

# **GENES (&) MESTIZOS**

GENÓMICA Y RAZA  
EN LA BIOMEDICINA MEXICANA

BIBLIOTECA DE ENSAYO CONTEMPORÁNEO

---

# GENES(&)MESTIZOS

---

GENÓMICA Y RAZA  
EN LA BIOMEDICINA MEXICANA

---

COORDINACIÓN

Carlos López Beltrán

---

*F*ICTICIA  
MÉXICO  
2011

---

## CONTENIDO

---

### GENES (&) MESTIZOS

GENÓMICA Y RAZA EN LA BIOMEDICINA MEXICANA

D.R. © ?????

D.R. © Ficticia S. de R.L. de C.V.

Primera edición: octubre de 2011

Este libro se realizó con el apoyo económico del proyecto de investigación UNAM-PAPIIT IN405609, “Clasificación racial en la antropología mexicana del siglo XX”.

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

### FICTICIA EDITORIAL

Editor: Marcial Fernández

Director de la colección: Humberto Schettino

Diseño de la obra: Armando Hatzacorsian

Cuidado de la edición: Mónica Villa

Consejo editorial: Raúl José Santos Bernard, Carlos López Beltrán, Pedro Serrano, Federico Fernández Christlieb, Mauricio Rocha, Alejandro Estivill y Paulina Ugarte

Sierra Fría 220. Col. Lomas de Chapultepec

Del. Miguel Hidalgo, C.P. 11,000, México DF

[www.ficticia.com](http://www.ficticia.com) [libreria@ficticia.com](mailto:libreria@ficticia.com)

ISBN: xxxxxxxxxxxx

Ficticia Editorial es miembro fundador de la AEMI  
(Alianza de Editoriales Mexicanas Independientes)

Todos los derechos reservados.

Impreso y hecho en México.

Introducción

CARLOS LÓPEZ BELTRÁN

9

SECCIÓN I

### LA CIENCIA Y EL MESTIZO EN LA POSREVOLUCIÓN

México mestizo: de la incomodidad a la certidumbre.

Ciencia y política pública posrevolucionarias

MARTA SAADE GRANADOS

29

La nueva ciencia de la nación mestiza:  
sangre y genética humana en la posrevolución mexicana

(1945-1967)

EDNA SUÁREZ DÍAZ

ANA BARAHONA ECHEVERRÍA

65

SECCIÓN II

### EL INSTITUTO NACIONAL DE MEDICINA GENÓMICA

Genómica Nacional:  
el INMEGEN y el Genoma del mestizo

CARLOS LÓPEZ BELTRÁN

FRANCISCO VERGARA SILVA

99

Mestizaje en el laboratorio, una toma instantánea

VIVETTE GARCÍA DEISTER

**143**

Protegiendo el “mextizaje”:

El INMEGEN y la construcción de la soberanía genómica

ERNESTO SCHWARTZ MARÍN

**155**

Cerca del ge(no)ma mexica(no):

Ensayo sobre el valor del origen y el origen del valor

FABRIZIO GUERRERO MCMANUS

**185**

### SECCIÓN III

### **CLASIFICAR, CAUSAR Y RACIALIZAR**

Las categorías raciales en el mundo  
y sus implicaciones para nuevos proyectos en México

CARLOS GALINDO

**209**

¿La reificación genética de la raza?

Una historia de dos métodos matemáticos

RASMUS GRØNFELDT WINTHER

**237**

¿De cuántas maneras podemos dividir a los mexicanos?

Sobre clases naturales y clases relevantes

YURIDITZI PASCACIO MONTIJO

**259**

Causalidad y variables subrogadas;  
la frágil epistemología de la construcción genética  
del mestizo mexicano

ALFONSO ARROYO SANTOS

**273**

Notas

**303**

Autores

**333**

Agradecimientos

**339**

Bibliografía

**341**

---

## INTRODUCCIÓN

---

CARLOS LÓPEZ BELTRÁN

### *Genoma humano / Genes mexicanos*

La idea de que la especie humana está fraccionada en subespecies o razas ocupa un lugar infame en la historia de Occidente. La historia de cómo se llegó a creer de modo dogmático y obsesivo en esa división es compleja y puede remontarse muchos siglos y diversificarse por territorios, disciplinas y prácticas coloniales militares, económicas e intelectuales. Las ciencias biológicas, médicas y antropológicas se ocuparon entre 1750 y 1950 de apuntalar esa visión de múltiples maneras. Entre los estudios de historia de las ciencias modernas en los que con más claridad y contundencia podemos ver la acción pertinaz del prejuicio ideológico y el odio en la construcción de teorías científicas están los múltiples episodios de la racialización de los cuerpos humanos, que acuden a todo expediente disponible: medidas corporales, hábitos, color de piel, forma del esqueleto, número de cromosomas, tipos de sangre, etcétera. Como otras disciplinas previas, la genética fue desde sus inicios reclutada para “echar luz” sobre esa pretendida división racial básica: las diferencias entre europeos, africanos, asiáticos y amerindios debían deberse a sus genes. Por razones

teóricas (el neo-darwinismo) y ético-políticas la racialización de la especie humana ha sido objeto de debate, al menos, desde 1950. Se ha vuelto insostenible la llamada visión “tipológica” de las razas que sostiene su radical diferencia con base en discontinuidades genealógicas, anatómicas, fisiológicas, genéticas o conductuales. Una importante consigna promovida desde mediados del siglo XX desde la UNESCO quiere que se elimine todo elemento biologizante en la comprensión de la diversidad humana, y propone que pensemos en la raza como un constructo social, reemplazable con ventaja por la noción de etnia. Pero, claro, eso no es lo que define para quien lo considera inobjetable el concepto de raza, y desde las ciencias, se han seguido proponiendo otras maneras de buscar discontinuidades (por ejemplo estadísticas) de varias índoles entre subgrupos o poblaciones (equiparables a las razas) en aras de una supuesta división objetiva. Siempre polémicos, estos intentos tienden a forzar el reciclado de viejos debates sobre el sentido mismo de establecer categorizaciones clasificatorias a escalas por debajo de la especie en *Homo sapiens*. Una fuente sorprendente de defensa del uso de la categoría de raza en los humanos se la debemos, de modo contrastante, a quienes encuentran en ésta una herramienta contracultural de combate en aras de la emancipación y autonomía de los grupos racializados oprimidos, que usan la noción para generar potentes vínculos identitarios. No es aquí el sitio para explorar esos liados terrenos, pues debo ocuparme del mestizo y del mestizaje.

La mezcla racial, o misceginación, ha sido juzgada de modo severo por el racialismo, y el racismo científico y seudocientífico europeos. Las Américas representan la región geográfica en la que el despliegue cultural, tanto importado como interno, de discursos racializados sobre la mezcla ha

sido más importante. La confluencia en sus territorios de grupos humanos de muy diversos orígenes y con disímiles caracteres físicos trajo consigo la progresiva procreación entre individuos de esos grupos, y la génesis de una sorprendente variedad de rasgos “novedosos” que muy pronto acomodaron la idea de que se debían a la mezcla de cepas originales puras. El americano exogámico como un ser híbrido cultural y físico devino un tropo común en la visión tanto americanófila como americanofóbica de los siglos modernos. El inmenso territorio americano, dado el descontrol sexual que se instauró desde la llegada hostil de los europeos y obligada de los africanos, se convirtió en un enorme experimento natural de hibridación y confusión racial que, para la mayoría de los naturalistas y científicos europeos de los siglos XVII a XIX, no podía traer nada bueno, salvo curiosidades antropológicas. Desde las Américas, como es sabido, surgieron los contradiscursos que usando a menudo exactamente las mismas herramientas teóricas e ideológicas que los rivales, rotaron sobre su eje la interpretación derogatoria de la mezcla racial (llamémosle mestizaje) y le agregaron valoraciones físicas y espirituales diversas.

México se cuenta entre los países que forjaron su nacionalidad y su identidad cultural persiguiendo incómodamente el ejemplo de las naciones modernas europeas y sus atados románticos. La unidad de lengua, raza y cultura se asumió como la meta a lograr mediante un trabajoso proceso histórico que construyese la patria. El mestizaje racial era un hecho tajante en el siglo XIX y las opciones abiertas para lograr la homogeneidad patria pasaban por la eliminación o la asimilación completa de los tenaces ingredientes amerindios, culturales y corporales. El mestizaje dejó de verse como condena y se asumió como destino, y quizá como re-

dención. La ideología que ahora algunos llaman mestizofilia fue el resultado de una larga y costosa superación de las rasgaduras de la descolonización (como las llamó Romana Falcón). El mestizo como icono identitario del mexicano pasó a ocupar el primer cuadro. Siempre manteniéndose el elemento contrastante y apuntalador del indio y lo indígena.

Las ciencias antropológicas y biomédicas europeas, norteamericanas y mexicanas han mirado más atenta y dilatadamente al indio mexicano que al mestizo mexicano. Quizá sólo hasta el período posrevolucionario el mestizo atrajo progresivamente la atención de médicos y antropólogos, como ya había atraído las de políticos y filósofos. Los primeros capítulos de este volumen intentan brindar una introducción histórica al tema central del trabajo, que es la genetización (o genomización, si se prefiere) reciente del mestizo mexicano. Esta búsqueda de fraccionar los componentes genéticos de los mexicanos en alícuotas diversas correspondientes a las contribuciones amerindia, europea y africana, tiene claros antecedentes, algunos de los cuales se relatan en esos capítulos.

En los años subsecuentes a la publicación del famoso Mapa del Genoma Humano hemos sido testigos en México de una carrera un tanto peculiar por replicar (al menos en retórica) ese hito científico mundial, en un nivel local, nacional. El Proyecto del Mapa del Genoma de los Mexicanos se echó andar bajo la premisa de que el sujeto portador de ese genoma, el mestizo mexicano, es portador de idiosincrasias y peculiaridades que superan las anécdotas de los chistes, al ahondarse en su estructura más íntima, la de las moléculas, la de los genes. El esfuerzo de los científicos por abrirse un espacio de notoriedad apelando a la identidad mestiza del ser nacional, no es ingenuo ni maquiavélico. Responde a una situación compleja, tanto local como internacional, en la que la nueva racializa-

ción de la investigación biomédica está en curso y en la que hay tenaces competencias por llegar primero a ciertos hallazgos, y por posicionarse con ventaja en la compleja malla de poblaciones humanas diversas, sujetos donantes de muestras y potenciales pacientes de futuros tratamientos calibrados genómicamente. Responde también a un afán del científico de ubicarse (en México y ante el Estado y los ciudadanos) como una fuente de autoridad legítima sobre los saberes genéticos que definen a “nuestra” población nacional.

El presente volumen es el resultado del trabajo de varios años de un grupo de investigadores y estudiantes de la UNAM y otras universidades (reunidos en el “Seminario de Genómica Crítica”) por entender las peculiaridades que esta nueva era genómica está incorporando a las investigación científica, biomédica y antropológica. Se centra sobre todo, y a manera de ejemplo destacado, en el muy publicitado proyecto del INMEGEN, del Genoma de los Mestizos Mexicanos. En el volumen resultante, como de hecho ocurrió en los seminarios, se despliegan habilidades varias que los contribuyentes trajeron a la mesa de discusión. Historia crítica, análisis filosófico y lingüístico, destreza etnográfica e interpretativa, crítica cultural y política, entre otras cosas. Como contexto daré, en lo que queda de esta introducción, un relato sobre nuestro objeto central (aunque no único) de atención: el Mapa del genoma de los mexicanos.

### *El Genoma de los mexicanos: para proyectar un proyecto*

Entre 2004 y 2009 los mexicanos atentos a los medios de comunicación estuvimos expuestos a una curiosa andanada de noticias —provenientes del INMEGEN— vinculadas al

llamado Genoma de los Mexicanos. Fue muy sorprendente la intensidad de la irrupción de una campaña mediática que duró cinco o seis años, y que no tiene en realidad parangón en la historia reciente de la divulgación de la ciencia en México. Esa campaña se lanzó sobre la estela del célebre y grandilocuente Proyecto del Genoma Humano, cuyo borrador se divulgó en 2001, y cuya versión más completa apareció en 2003. No creo que sea erróneo buscar en el anuncio oficialista de aquel suceso por nuestro secretario de salud en México el inicio de la historia que nos ocupa.

Cuando el Secretario de Salud mexicano, Julio Frenk Mora, anunció ceremoniosamente la culminación del Proyecto del Genoma Humano, en un acto especial (muy difundido luego a través de un comunicado de prensa del Presidente de la República Mexicana, Vicente Fox, el 14 de abril de 2003<sup>1</sup>) quiso dejar claro que ese Mapa Genómico era “el inicio de una nueva era en la ciencia y la medicina del siglo XXI” y aprovechó para añadir que a ese tren en marcha “México accederá mediante una estrategia que busca su desarrollo en instituciones nacionales”<sup>2</sup> Para atar desde ya a México a la celebración mundial del suceso, la base de datos del Genoma Humano —ya disponible abiertamente de suyo— fue puesta a disposición pública por internet ese mismo día tanto en la Secretaría de Salud como en la página del Consorcio Promotor del Instituto de Genómica Médica. Con este acto curioso, por simbólico y redundante, se hacía el gesto de iniciar el camino de México hacia su “era genómica” particular auspiciada por su élite médica.

Contagiados del triunfalismo adánico de la retórica de los reporteros que bajaban desde el norte, los médicos mexicanos en voz de Frenk Mora iniciaron aquí la misma labor de rebautizo de las realidades biológicas y de reorganización de la mirada clínica sobre ciertas patologías comunes a

través de su posible asociación con elementos genéticos. “El titular de Salud destacó que si bien México no participó en forma directa en el Proyecto del Genoma Humano, sí se beneficiaría de sus productos para llevar a su población procedimientos diagnósticos y curativos a favor de la salud de los mexicanos a través de la medicina genómica y, en especial, mediante la acción decidida del Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), pronto a crearse por el Congreso de la Unión”. Esta extendida cita muestra que el objetivo del anuncio oficial no era lo que los científicos norteamericanos y sus aliados habían hecho, era más bien aprovecharse de ello para ubicar en el ojo público un proyecto de ciernes. Se daba por inminente la creación del INMEGEN, y con él el paso a la modernidad médica, que una nueva generación de biomédicos post-priistas exigía.

En ese mismo anuncio, Julio Frenk Mora presentó al joven actor que la élite médica mexicana tenía enfilado para liderar a su generación en el movimiento hacia la medicina genómica, cito:

El doctor Frenk Mora presentó el número que hoy [14 abril 2003] publica la prestigiosa revista *Science* sobre la culminación del Proyecto del Genoma Humano y destacó el artículo que ahí publica el doctor Gerardo Jiménez Sánchez, director del Consorcio Promotor del INMEGEN. Señaló que la publicación de este artículo, en un momento histórico de tal relevancia, resulta de gran importancia al dar a conocer a la comunidad científica internacional el desarrollo de la plataforma que está construyendo nuestro país para impulsar la medicina genómica.<sup>3</sup>

Gerardo Jiménez Sánchez en ese momento era aún investigador en la Universidad John Hopkins y se había posiciona-



do como experto en medicina genómica por una revisión bibliográfica extensa publicada en *Nature*<sup>4</sup> en la que se encontraron reportes de cerca de 1,000 elementos genéticos con posibles vínculos causales con enfermedades reportados en la literatura médica. En el ya citado comunicado presidencial se afirma, de modo extraño, que Jiménez Sánchez fue el único mexicano que participó en el Proyecto del Genoma Humano. Su experiencia de investigación, hasta entonces no justificaba esa afirmación ya que sus trabajos doctorales de genética pediátrica se pueden encuadrar sin problema en la genética médica pre-genómica y él nunca estuvo asociado al proyecto internacional.

El tercer actor presente en la ceremonia reportada fue el ilustre Guillermo Soberón Acevedo, quien fue presentado en este acto como coordinador del Consejo Directivo del Consorcio Promotor del INMEGEN. En las declaraciones de este médico se concentra la justificación de una inversión pública fuerte en medicina genómica.

México se prepara para desarrollar la medicina genómica enfocada en atender los problemas nacionales de salud, tales como la diabetes mellitus, la hipertensión, el cáncer cérvico-uterino... conforme avance la transición epidemiológica en México, el peso financiero de las enfermedades crónicas y degenerativas se incrementará dramáticamente... de ahí que las nuevas estrategias [genómicas] de prevención, diagnóstico y tratamientos más efectivos serán esenciales para enfrentar los costos.<sup>5</sup>

El Proyecto del genoma humano es responsable de haber cifrado desde sus inicios y con el fin de justificar su inmensa inversión que requería, las expectativas a futuro de la medicina genómica en esos términos. Los enfermos en el

futuro serán mayoritariamente “pacientes genómicos”; esto podría ser una síntesis de esa interesante profecía. El slogan acuñado fue que la medicina será predictiva, preventiva y personalizada, basada en el conjunto de marcadores genéticos relevantes de cada individuo. Los médicos mexicanos, en esta ocasión en voz de Soberón Acevedo, reciclaban las promesas por consumo local, ya volteaban la mirada a la población mexicana, como sujeto especial de genomización.

En la ocasión relatada la gema genómica anunciada era que, el INMEGEN, estaba a punto de fundarse:

gracias a un esfuerzo conjunto de la Secretaría de Salud, la Universidad Nacional Autónoma de México, el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología y la Fundación Mexicana para la Salud desde 1999 se viene impulsando el establecimiento de una infraestructura para desarrollar la medicina genómica en México, ahora cristalizado en el Consorcio Promotor del INMEGEN que tiene por cometido sentar las bases para la creación y operación del Instituto Nacional de Medicina Genómica... los elementos organizacionales, funcionales, jurídicos y económicos están dados y se espera que próximamente el Congreso de la Unión apruebe la creación del undécimo Instituto Nacional de Salud: el Instituto Nacional de Medicina Genómica<sup>6</sup>.

Como se verá más adelante en este libro, tan oficialista y ceremonioso comienzo tuvo en mayo de 2009 un oficialista y ceremonioso punto de llegada, cuando, en plena crisis debida a la gripe mutante en el D.F., se entregó a Felipe Calderón en mano el llamado Mapa del Genoma de los Mexicanos, de parte de Gerardo Jiménez Sánchez.

*La nueva genómica médica. Un asunto de familia*

Todas las narrativas de la fundación del INMEGEN inician con la decisión de Guillermo Soberón Acevedo de hacer converger en torno a FUNSALUD, a principios de 1999, una serie de instituciones e individuos interesados en el desarrollo prospectivo de la medicina genómica en México<sup>7</sup>.

Desde el inicio, Soberón eligió a Gerardo Jiménez Sánchez como el portador de la batuta. “En 1999, el doctor Soberón me dio la encomienda de integrar una propuesta inicial para abordar... el desarrollo de la medicina genómica en México”<sup>8</sup>. Hijo primogénito de una pareja de colaboradores y amigos de toda la vida de Soberón, Jiménez Sánchez parecía haber sido educado, con mucho esmero e inversión, para liderar la gran empresa modernizadora que visionarios curtidos como Soberón Acevedo, y luego otros miembros de la élite médica, empezaron a avizorar. Las escasas, pero flamantes, publicaciones científicas del doctor Jiménez Sánchez sobre la genética y las enfermedades cubrían una pequeña parte de los requisitos para ser el líder de la empresa compleja de fundar un nuevo instituto de salud pública en México. La otra, y más impactante parte del expediente lo cubría su calidad de delfín de una comunidad científica estrechamente ceñida y endogámica, y su tenaz “misión y visión” para el futuro INMEGEN.

El propio Gerardo Jiménez Sánchez relata en una entrevista cómo surgió todo durante una reunión familiar. “Durante su estancia en la Universidad John Hopkins, se daba sus vueltas a la Ciudad de México y fue así que en unas vacaciones navideñas, platicando con sus maestros sobre el mapa del genoma y las repercusiones en salud, Guillermo Soberón, [¿al escucharlo?] se percata de las ventajas que

esta materia podría traer a México y decide iniciar la medicina genómica del país”<sup>9</sup>. ¿Y quién mejor que su ahijado — portador de la buena nueva desde el norte— para hacerse cargo del ambicioso proyecto?

La estrategia para implementar la creación del INMEGEN fue diseñada por Soberón Acevedo<sup>10</sup>. Una de las ideas de Soberón fue integrar al esfuerzo al CONACYT, UNAM, Secretaría de Salud y FUNSALUD. Todas ellas instituciones en las que ha tenido gran injerencia. El 22 de noviembre de 2002 se firmó el convenio de colaboración cabildeado por Soberón y se integró el Consorcio Promotor del INMEGEN que intentó generar consenso en la comunidad científica y médica sobre la mejor manera de fundar un Centro de Investigación en Medicina Genómica en el que todas las instituciones involucradas participarían y del que todas se beneficiarían. La decisión de decantarse por instaurar el undécimo Instituto Nacional de Salud no fue del agrado de todos. Hubo, en palabras del mismo Jiménez Sánchez, “que romper con algunos usos y costumbres muy arraigadas que a veces llevaban al debate a niveles altos de tensión”<sup>11</sup>.

¿Quién dirigiría, cómo se articularían los grupos y cuáles proyectos se iban a priorizar? ¿Qué estructura de financiamiento y de organización del trabajo se adoptaría? Eran temas que preocupaban a los no pocos genetistas y médicos que participaron en el debate. La autoridad de Soberón se impuso. La juventud y falta de credenciales robustas de Gerardo Jiménez Sánchez no obstaron para que estuviera al frente del Consorcio. Luego se le hizo director fundador del INMEGEN. Ya para entonces, sectores importantes de la comunidad de genetistas médicos mexicanos habían marcado su distancia, en especial los de la UNAM.

El eficaz cabildeo en el Congreso de la Unión llevó a que se modificara la Ley de Institutos Nacionales de Salud para crear el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) el 14 de julio de 2004.

### *¿De dónde el Genoma de los mestizos mexicanos?*

El proyecto insignia del INMEGEN en su primera etapa (2004-2009) fue llamado ante los medios “El proyecto del Genoma de los Mexicanos”. Además de los fines biomédicos —que veremos en seguida— resultó claro desde el inicio que esta empresa tenía fines propagandísticos importantes. Se trató de un esfuerzo concentrado y metódico para posicionar al INMEGEN y a su director como una institución y un personaje centrales en el futuro de la biomedicina mexicana. Una búsqueda somera en internet con las guías del “INMEGEN” y “Jiménez Sánchez” arroja una ingente lista de 44,000 vínculos, la mayoría de ellos producto de la constante y deliberada promoción de noticias asociadas a la actividad de cabildeo y promoción de Gerardo Jiménez Sánchez.

Asociarse, en la percepción pública, a la vanguardia genómica mundial parecía imperativo y la creación de un marco nacionalista para apuntalar tal campaña fue, por lo visto, juzgado pertinente. Investigar los genes de los mexicanos para el bien de los mexicanos, es decir usar las nuevas tecnologías de secuenciación del genoma (genotipado) para producir El mapa del genoma de los mestizos mexicanos pareció un “grial” atrayente y vendible al público. La paradoja evidente de “nacionalizar” la genética no pareció problemática. La introducción del lenguaje racializado en la referencia al mestizo mexicano tampoco.

El uso de la categoría racial mestiza en la investigación médica y antropológica no es nuevo. La clasificación de la población mexicana como mestiza se convirtió en un lugar común durante el siglo xx. La distinción fundamental a la demografía mexicana llegó a ser la diferencia cultural y sociopolítica entre mestizos (la mayoría de los mexicanos) e indígenas. Los artículos de Marta Saade, Ana Barahona y Edna Suárez, en este volumen, revelan claramente el proceso de traslado de la categoría de *mestizo* —categoría histórica muy disputada (y disputable)— a los espacios de la investigación científica.

La historia y complejidades del mestizaje en México (así como en el resto de la América Ibérica) se han estudiado de múltiples maneras y por varias generaciones de historiadores. La noción identitaria de mestizo en México ha tenido un papel crucial en el imaginario colectivo, promovido fuertemente durante el siglo xx por los regímenes de la Revolución Mexicana. Su paso, en aquel período, de la ideología a los laboratorios y a la discusión de la genética poblacional no está cabalmente documentado ni comprendido. La suposición original de que ser mexicano quiere decir ser híbrido tanto cultural como biológicamente (y médicamente) es una convención a la que se llegó por medio de la imposición de una imagen estereotipada y una historia oficial que generaliza la cultura y el cuerpo del mestizo como los de todos los mexicanos. Que los científicos no sólo incorporen esa construcción ideológica sino que la refuercen con sus presupuestos de investigación en genética poblacional médica y antropológica, es un fenómeno interesante que necesitamos comprender. Se podría decir que esa cuestión es la que motiva y unifica esta serie de trabajos en torno al INMEGEN y su proyecto del genoma mestizo de los mexicanos.

Entre los años 2003 y 2010 tuvimos en el Instituto de Investigaciones Filosóficas, un grupo interdisciplinario de estudios en

torno a la genómica humana; se llamó informal pero seriamente, como ya mencioné, “Seminario de Genómica Crítica”. Motivados por comprender cómo la raza volvía, de modos que nos parecían extraños, a ser un tema toral en la nueva genética, terminamos interesándonos muy hondamente por los desarrollos que veíamos ocurrir en el INMEGEN. Con integrantes de ese grupo de trabajo, que ha venido creciendo, hemos desarrollado ya tres proyectos de investigación con temas emanados de ahí. Este libro es, entre otras cosas, consecuencia de esa curiosidad científica y crítica, y de los generosos apoyos recibidos.

### Racializar la biomedicina

Estamos viviendo tiempos paradójicos en cuanto a la manera en la que se investiga, a nivel molecular y genómico, a las poblaciones humanas. La tendencia —al menos en la propaganda— hasta los últimos años del siglo xx en la antropología y la biomedicina, siempre fue combatir el uso de categorías racializadas en la investigación. Primero, porque había cierto consenso en que a nivel molecular y bajo una mirada objetiva provista por la genética poblacional, era infundada toda pretensión de encuadrar la diversidad biológica de los humanos en categorías discretas, claras y coincidentes con los esquemas de razas decimonónicas. Segundo porque todo reciclado —así fuese pragmático— de categorías raciales comunes, engranados y difundidos en muchos espacios culturales como fósiles ideológicos de otra época, tendería a legitimar y reforzar —desde la ciencia, ese bastión de autoridad— los prejuicios racialistas y racistas que tanto dañan los tejidos sociales.

La muletilla de que la ciencia biológica de avanzada le estaba quitando el piso por completo a los impulsos racializadores es-

taba a flor de labios entre los científicos. En la práctica, sin embargo, quedaban muchos espacios de investigación en los que se usaban continua y “legitimadamente” clasificaciones etnoraciales. La antropología física nunca se deshizo de sus raseros y estancos raciales, como tampoco lo hizo la medicina poblacional. La dominación mundial de la ciencia norteamericana —entre otras cosas— ayudó a que la etno-racialización de los grupos humanos bajo investigación no pareciera tan anómala. En E. U. se ha naturalizado un juego de identidades raciales y étnicas muy peculiar, que llevado a los *journals* adquiere una pátina de normalidad y objetividad del que las comunidades científicas de otras regiones no se han sabido distanciar.

La des-racialización vigesimonónica de las ciencias antropológicas y biológicas fue en todo caso, superficial e incompleta. Muchos investigadores siguieron pensando en su fuero interno que se trataba de una concesión a la corrección política —también impulsada desde el norte— posterior a las infames eugenesias, germánica, anglosajona y de otras cepas.

En México la racialización, como dijimos, se naturalizó en la dicotomía mestizo/indio y sirvió para apuntalar la investigación molecular de poblaciones humanas. Mucha de ella modesta en su financiamiento y alcance. La frase *mexican mestizo population* se volvió en los *journals* de biomedicina poblacional y antropológica, un equivalente multiusos para ubicar a los sujetos bajo la lupa biomédica cuando eran grupos de mexicanos no indígenas los usados como fuentes de datos.

El mapa genómico de *Homo sapiens* con el que cerró el siglo xx trajo consigo una crisis respecto a la clasificación —con base a marcadores biológicos— de las poblaciones bajo escrutinio científico. Se sabía de antaño que dada la forma en que los vaivenes y errancias, los aislamientos y migraciones habían esparcido a los humanos por decenas de miles de años

sobre la superficie del planeta, se había producido un abigarrado mosaico de diversidad, indócil ante las estrategias clasificatorias aristotélicas. La posibilidad de tener acceso a montañas ingentes de datos sobre la distribución de la variación en el nivel de las secuencias de bases del ADN en los grupos y regiones estimuló ¿cómo no? el apetito de muchos. Se antojó poder saber las similitudes y diferencias “objetivas” de los diferentes cúmulos poblacionales humanos, e inferir sus parentescos históricos y sus historias de distancias y encuentros a lo largo de milenios. También pareció al alcance una evaluación objetiva de las relaciones entre las “apariencias” fenotípicas y las “esencias” genéticas, que ayudan a evaluar mejor la cuestión de la existencia de grupos raciales.

La conexión con la biomedicina, sin embargo, fue la que resultó crucial para el proyecto de genotipar exhaustivamente a la especie humana y a las “variedades” que presenta. Para invertir en un esfuerzo de *big science* como el Proyecto del Genoma Humano, era necesario ofrecer recompensas pragmáticas atractivas, más allá de la curiosidad intelectual.

La asociación entre genes y enfermedades —que se ha venido construyendo contra viento y marea desde las primeras décadas del siglo XX— pudo ponerse por delante para forjar la promesa de la nueva genética. Los estudios de asociación —hasta entonces escasos y en su mayoría tentaleantes— entre factores hereditarios y predisposiciones a enfermedades podrían ahora realizarse masiva y exhaustivamente. Y estas predisposiciones debían estar repartidas entre la población con los mismos patrones contingentes con los que estaban regadas las variantes genéticas.

La información sintética, por imprecisa que fuese, en la memoria identitaria de los grupos y en las clasificaciones etno-raciales en uso común, podía por principio ponerse a

funcionar como primera estructura poblacional a partir de la cual se organizaran la indagación de la genómica médica poblacional. El argumento de que eso reforzaría los estereotipos y los prejuicios fue muy pronto confrontado con el de que no considerar las diferencias internas etno-raciales en las poblaciones nacionales tendría el efecto de dejar fuera del escrutinio genómico y de los beneficios médicos posteriores a las poblaciones más desfavorecidas, típicamente genitizadas con base en marcadores etno-raciales: los afro-americanos en E. U., los indígenas en Latinoamérica.

Visto en retrospectiva, la aparición de un proyecto racializado y nacionalista de genómica médica poblacional en el seno de la élite biomédica mexicana era de esperarse. Pero en el momento, algunos lo vivimos como un extraño *deja-vu* histórico, como un atavismo cultural racialista de la época de la post-Revolución.

Proyectar —como hizo el INMEGEN insistentemente— una imagen del mestizo como un mosaico racial estereotipado, justo en un período en el que los críticos culturales (historiadores, antropólogos, filósofos, etc.) estaban deconstruyendo inclementemente la noción identitaria y biológica del mestizo mexicano, resultaba, por decir lo menos, muy paradójico. Pero las paradojas de la campaña del INMEGEN en torno a su proyecto insignia, el genoma de los mestizos mexicanos, van más allá de la elección de su sujeto/objeto de indagación poblacional.

El discurso nacionalista, claramente alineado con la convicción estatista de la vieja guardia del PRI, se combinaba de modos rechinantes con la retórica modernizante de una empresa biomédica que intentaba generar oportunidades importantes de negocios para la industria farmacológica. La imagen buscada de un instituto nacional de medicina nuevo y flamante, formado en el período post-priista en el que se debieron cumplir procesos de atención de consenso democrático, contrastaba con el

culto a la personalidad instaurado, y el modo particular en el que se le asignaron los cargos de responsabilidad científica.

La forma en la que un espacio teórico y pragmático tan claramente irrespetuoso de las fronteras políticas y las convenciones institucionales, como lo es la genética de las poblaciones humanas, se tiñó en el proyecto insignia del INMEGEN de criterios políticos (la división política de estados en la República Mexicana) y de decisiones institucionales (muestrear donde hubiese gobernadores enrolados) resultaba muy paradójico.

Ver a un investigador/empresario de nuevo cuño, como Gerardo Jiménez Sánchez, quien probablemente tenía entre sus figuras a imitar a Craig Venter (el bio-empresario más audaz y anti-comunitario) defender una noción quimérica de algún modo, digna de mejores causas, como la es la de “soberanía genómica”, resultó otra de las paradojas. Tal acumulación de altos contrastes, resulta enigmática para todo estudioso de las ciencias.

Se trató así de una oportunidad única, que nuestro grupo de genómica crítica que se conformó en el Instituto de Investigaciones Filosóficas de la UNAM, para seguir la pista desde las humanidades de la Genómica Humana, no podía dejar pasar sin estudiar ni podía no involucrarse en su análisis y comprensión. El INMEGEN ha entrado, a partir de 2010, en un nuevo período debido a cambios en su dirección y en sus proyectos científicos. La genómica poblacional que se realiza en él se ha reenfocado, y es muy pronto para saber si se abandonará el lenguaje racializado del mestizo o se seguirá con éste.

Los escritos aquí reunidos conforman un esfuerzo colectivo, cristalizado en trabajos individuales, para entender el modo en que en México la racialización mestiza ha guiado por décadas nuestra mirada, y ha orientado las preguntas y respuestas de los científicos mexicanos sobre nuestra población.

---

SECCIÓN I

---

**LA CIENCIA Y EL MESTIZO  
EN LA POSREVOLUCIÓN**

---

---

**MÉXICO MESTIZO:  
DE LA INCOMODIDAD A LA INCERTIDUMBRE.  
CIENCIA Y POLÍTICA PÚBLICA POSREVOLUCIONARIAS**

---

MARTA SAADE GRANADOS

Los procesos de construcción de nación en América Latina son materia continua de pesquisa histórica. En México aluden casi automáticamente al encuentro conflictivo entre Cortés y Cuauhtémoc, a la Conquista como hecho fundacional de la nación en términos poblacionales y al proceso independentista como hecho político que inaugura el estado-nación. Hacia un lado o el otro se inclina la balanza de quienes, al menos desde el siglo XIX, han buscado un hilo conductor para “pensar la nación”.<sup>12</sup> Entre ambos, se erige al mestizaje como “certidumbre” para definir aquel “somos mexicanos”, en tanto estrategia para enfrentar la “incomodidad” hacia el mismo manifestada por el orden colonial. De alguna manera, la historia de la mestizofilia que perseguimos marca el revés del orden segregacionista colonial, que repudió las formas de mezcla poblacional y cuya máxima expresión son las clasificaciones de castas, y se dirige hacia un esfuerzo de incorporación como estrategia republicana y nacionalista que ensalza al mestizo para convertirlo en el único sujeto cierto, 100% mexicano. Sin em-

bargo, el revés —en principio descolonizador— resulta paradójico, pues el saber nacionalista volverá a recurrir al afán tipológico importado de la ciencia europea, para definir la lejanía o cercanía con respecto al prototipo ideal del híbrido mexicano.

El mestizaje en México fue objeto y producto simultáneo de una reflexión capaz de constituir una sólida ideología nacionalista, hegemónica en el siglo xx, y objeto a su vez de esfuerzos científicistas comprometidos con la política pública modernizante. El mestizo al que referimos en estas páginas remite a la producción ideológica, científica y política del sujeto nacional, y es a él a quien se intenta descifrar. Se trata de una historia que se mueve entre el sueño y la experticia, la lectura y la escritura, el discurso, la propaganda y la intervención pública. Es el resultado de una reconstrucción histórica que se trama en simultaneidad, contradicción y complicidad, entre individuos, asociaciones científicas, publicaciones, oficinas de gobierno y objetos de intervención.

En el entrecruce entre saber científico y voluntad política se trama la mestizofilia estudiada a partir de Andrés Molina Enríquez y el grupo de científicos porfirianos que lo precedieron, como síntesis de un continuo genealógico que produjo la ideología de la «raza bronce», como síntesis de la mexicanidad.<sup>13</sup> Otro tanto habrá que decir de las investigaciones sobre su transmutación, con la publicación de la *Raza Cósmica* de José Vasconcelos, cuya distribución en los países de América Latina entró en diálogo con los planteamientos indigenistas y nacionalistas de la región.<sup>14</sup> Entre estos estudios de reconstrucción histórica se ha explicitado que el mestizaje, comprendido en términos generales como cruce o mezcla entre núcleos poblacionales distintos (comprendidos como “razas”), fue centro de una producción ideológica de corte nacionalista, entretejida con el áni-

mo antiestadounidense y de reafirmación de algún elemento constitutivo propio y común, asumido como “original”.

La historia de la mestizofilia científicista en México es el recuento sucinto del giro racialista concretado a finales del siglo xix, operado en el campo emergente de la ciencia mexicana, que unió los mecanismos de incorporación liberales, cifrados en una transmutación económica con la producción de propietarios y una transfiguración política vía la ciudadanía, en una solución articulada, que los entendió como parte y efecto de un programa de integración racial: la transfiguración físico-biológica a través de la fusión étnica.<sup>15</sup> Esta producción científica se obra a través del diseño e implementación de dispositivos, con los cuales el mestizo pasó de ser el producto de la imaginaria de intelectuales, políticos y científicos, cuya diferenciación para esta época resulta muchas veces esquiva, a convertirse en proyecto y acción política. Este tránsito en simultaneidad, se constituye sobre el legado del siglo xix, realizado con el ímpetu voluntarista y nacionalista aportado por la Revolución Mexicana de 1910.

Para hacerlo presentamos una narración, cuyo orden no pretende realizar una secuencia cronológica, sino ingresar en la mente y práctica de quienes fueron los protagonistas de estas historias. Reconstruimos los procedimientos que hicieron del mestizo, menos el producto histórico del transcurrir que va haciendo a la nación, y más el resultado del voluntarismo científico anclado en la aplicación política.

### El diagnóstico mestizófilo

Todo inicia con la vocación de emitir una palabra sobre las causas últimas de “los grandes problemas nacionales”,



parafraseando la célebre obra de Andrés Molina Enríquez.<sup>16</sup> La advertencia, común en el contexto latinoamericano, de la heterogeneidad como problema para la integración nacional es el punto de partida: la diferencia y la desigualdad se mostraban omnipresentes, urgían una explicación y solución frente al ánimo de construir un estado-nación moderno.

Sobre aquella base, el primer diagnóstico produjo al “problema indígena” como dominio republicano, liberal y científico comprometido con “el orden y el progreso” cifrado en la modernización. Fue el resultado de una preocupación por la desintegración nacional, leída desde finales del siglo XIX en clave racialista; y a la vez, la sumatoria de un ejercicio político generado en la institucionalidad posrevolucionaria encargada de dar respuesta a los requerimientos de la nación, en medio de las amenazas extranjeras y la pretensión de integración en el concierto internacional. Así mismo, fue producto de un esfuerzo múltiple que implicó: el reconocimiento de un proceso evolutivo de la patria que mostraba peligros de involución, del compromiso con una ciencia que puso en manos de sus practicantes la capacidad de nombrar y explicar la diferencia, y de la fe en la ciudadanía como fórmula de construcción política de igualdad, hacia la unidad homogénea nacional.

En aquel tránsito ensalzado que conduce de la Reforma Liberal al Porfiriato, los ideólogos de la mestizofilia pusieron en evidencia una delimitación del “problema indígena”, primero como disfunción económica y política, determinada por su “situación”; y luego, completada con una definición esencialista que encontró en las tesis del determinismo biológico una respuesta cifrada en la constitución del “ser” indígena, definido como raza. Desde Pimentel, Riva Palacios y Justo Sierra, hasta Molina Enríquez se fue establecien-

do una lectura histórica evolucionista, que se constituye en sustento de la mestizofilia.

Pimentel inserta al indígena, desde su “situación” relacionada con la dominación colonial, como etapa en la historia evolutiva, que derivaría en la producción del criollo:

La raza mixta, respondemos, sería una raza de *transición*; después de poco tiempo, todos llegarán a ser blancos [...] Por otra parte, no es cierto que los mestizos hereden los vicios de las dos razas, si no es cuando son mal educados; pero cuando tienen buena educación, sucede lo contrario, es decir, heredan las virtudes de las dos razas.<sup>17</sup>

La lectura de Spencer, Haeckel y Darwin, permiten a Riva Palacios seguir un análisis evolucionista que conduce al mestizo como fenómeno político con vida propia:<sup>18</sup> “El mestizo ya no es un medio sino un fin: es un ser que se vuelve deseable no por su cercanía al blanco sino en la medida en que se asemeja a sí mismo. Y es también quien comienza a dominar la escena histórica, quien asume el papel de patriota libertador de un pueblo oprimido.”<sup>19</sup> Esta primera asociación entre mestizaje y mexicanidad, produce un argumento central: el vínculo entre patriotismo y el surgimiento de una “nueva raza”,<sup>20</sup> ya no desde la Conquista y la Colonia reivindicadas por hispanófilos como Pimentel, sino a partir de la Independencia. Por su parte, Justo Sierra, intelectual porfiriano del grupo de “los científicos”, propuso otro recorrido histórico de largo alcance para señalar el origen del “alma nacional” y refutar la idea de la Madre-Patria como fundadora de naciones: “Los mexicanos somos los hijos de los dos pueblos y de las dos razas; nacimos de la conquista; nuestras raíces están en la tierra que habitaron los pueblos

aborígenes y en el suelo español. Este hecho domina toda nuestra historia; a él debemos nuestra alma.”<sup>21</sup>

Andrés Molina Enríquez, profesor del Museo Nacional y miembro de la Sociedad Mexicana de Geografía y Estadística, se encargaría de realizar una suerte de síntesis, no carente de contradicciones, entre Riva Palacios y Justo Sierra, en el que sería su campo privilegiado: la evolución del agro mexicano a partir de la teoría de los cereales y según la cual, el altiplano central representaba el centro del progreso. Desde allí establecería tres etapas que inician con un período de “desintegración”, siguen con otro de “formación”, anclado en la privatización de la tierra, para llegar al momento de “transición” como proceso de ajustes étnico-sociales.<sup>22</sup> El reconocimiento de la disparidad en el “organismo nacional” implicó, en Molina, el diseño de un programa de “justicia social” frente a la desigualdad y de “integración” étnica frente a la diferencia. La unión entre una determinación racial<sup>23</sup> y una de clase para definir a la población será la clave de la teoría mestizofila. Con un esquema socioeconómico y racialista de la nación, determinó los cinco problemas nacionales, persistentes en la etapa de “Integración” y cuya solución sería el triunfo de la nación mestiza: (1) la gran Propiedad continuada como “feudalismo rural”, que obligaba la fragmentación de la propiedad en manos de los mestizos; (2) la desigualdad, cuya solución implicaba dotar al mestizo de poder adquisitivo con la implantación del crédito territorial;<sup>24</sup> (3) la insuficiente productividad, que requería poner en marcha un programa de irrigación en las zonas de cereales; (4) la población, cuya integración dependía de la unificación y cualificación de la capacidad consumidora de los grupos raciales, cuya solución no era la inmigración sino en el mestizaje; y (5) el problema político de la

patria, descrito como carencia de unidad por una historia de divisiones raciales y desigualdades.<sup>25</sup>

Aquella reflexión aportaba un elemento novedoso a la discusión, al concebir que el verdadero patriotismo residía al interior de la nación: “todos como los hermanos de una familia, libres para el ejercicio de sus facultades de acción; pero unidos por la fraternidad del ideal común, y obligados a virtud de esa misma fraternidad, por una parte, a distribuirse equitativamente el goce de la común heredad que los alimenta, y por otra, a tolerarse mutuamente las diferencias a que ese goce dé lugar.”<sup>26</sup> En estas palabras se resume la contribución central del pensamiento moliniano, que persistirá hasta el final de las guerras revolucionarias: la unión de los problemas de la desigualdad social y la diferencia “étnica (racial)” en una misma explicación, definiéndola como el asunto nacional. Desde aquí adquiere sentido la declaración del sujeto histórico de la nacionalidad mexicana: el mestizo como clase y el mestizo como raza, como sujeto para integrar la nacionalidad.

Este giro racialista, con tono social, concretado a finales del siglo XIX y aderezado con las estrategias de incorporación liberales, sería dotado de contenido científico desde las últimas décadas del siglo XIX. Las voces fueron pronunciadas con las teorías degeneracionistas y evolutivas, que permitieron: por un lado, reproducir una tipología de los peligros nacionales diagnosticados en los cuerpos de varones y mujeres mexicanas;<sup>27</sup> y por el otro, recrear las continuidades históricas que harían posible medir y proyectar las capacidades humanas, específicamente nacionales, para evolucionar de “popurrí de razas” a “cuerpo homogéneo”.<sup>28</sup> En este ejercicio se produjeron los “enemigos internos” de la nación a través de la evaluación pretendidamente estandariza-

da de la heterogeneidad. Los parámetros de normalidad y anormalidad fueron inicialmente importados, para luego articular una medida nacional que hizo del “indio-enfermo-criminal” un cálculo posible de la anomalía. No somos ni tan malos ni tan buenos, fue la valoración a finales de siglo XIX que hizo de la mestizofilia la ideología nacionalista dirigida hacia el punto medio de la nación: el mestizo.

Con este legado, el campo científico recompuesto por los esfuerzos modernizantes posrevolucionarios se dedicó a dotar de contenido científico a aquella ideología, traduciéndola con la gramática de las disciplinas aplicadas a la tarea nacionalista y entre las cuales resaltan la antropología y la medicina. En el cruce de caminos entre ambas y otros saberes modernos emergentes, se produjeron dos instrumentos para la definición científica del sujeto medio de la nación: el indigenismo y el eugenismo.<sup>29</sup> Entre sus defensores fueron divulgadas nociones científicas para comprender la configuración de la población mexicana, cuya naturalización por parte de la práctica científica, la propaganda, la higiene y la educación, sentenciaron a los indígenas, negros, chinos, sífilíticos, epilépticos, alcohólicos, tuberculosos, toxicómanos, prostitutas y enfermos mentales como los cuadros patológicos de la nación y alertas de involución racial.

La antropología incursionó en la escena nacionalista elaborando un diagnóstico cultural de la nación, presentado como crítica al determinismo biológico, a través de la adopción estratégica del relativismo cultural de Franz Boas,<sup>30</sup> y como opción de revaloración de “lo propio”, sustentado sobre criterios científicos de la época. De la mano de los Estados Unidos el indigenismo se produjo como instrumento derivado de un diagnóstico básico: la formulación contemporánea del indígena vivo, tarea de la que se encargaría de

manera protagónica Manuel Gamio. El reconocimiento de su “presencia” hizo posible el desarrollo de una antropología encargada de observarlo y registrarlo en su integralidad,<sup>31</sup> con el propósito de encontrar en él la potencia mestizófila. En este sentido y no en otro, dispuso un conjunto de herramientas científicas para detectar y medir su gradación como “indígena”. Este fue el tipo de revaloración del indio producto de un prolongado ejercicio indigenista, que implicó su disección en rasgos culturales, así como su evaluación evolucionista para reformular al “problema indígena” con un giro cultural y otorgarle “su tono característico, de tránsito de la cultura de los indios a la cultura nacional”.<sup>32</sup>

El resultado fue la producción de un ensamblaje indigenista que incluyó: (1) un instrumento cultural: encargado de clasificar a los pueblos para seleccionar algunos “rasgos” y nacionalizarlos mediante su inclusión en la historia y presente mexicanos; (2) un instrumento económico: derivado de la disección del “indio vivo”, que hizo posible plantear su conversión en campesino y su entrenamiento técnico como camino de integración productiva; y (3) un instrumento racial: que se intentó silenciar, pero que continuó presente en la pregunta del “contacto cultural” como camino de mejoramiento físico y moral, a través del mestizaje racial.<sup>33</sup> “El indio criminal” prohijado por la antropología física y la medicina legal,<sup>34</sup> el “indio anormal” y el “indio enfermo” producidos por la clínica, se sumaron al “indio sucio” del que se haría cargo la higiene, para sentenciar desde la atención fija en las “regularidades” que describían a la población nacional, su capacidad de transformación político-económica y biológico-cultural a través de un mestizaje dirigido.

A su lado y en complicidad, la medicina incursionó en el campo de las ciencias nacionalistas con un diagnóstico

físio-biológico del cuerpo de los mexicanos, desde antes de su nacimiento. La etiología de la enfermedad y las teorías modernas de la herencia se conjugaron con la pasión profiláctica del “prevenir es curar” para hacer del eugenismo o la doctrina del “bien nacer” un instrumento útil para la disección nacional. De nuevo, la pasión clasificatoria otorgó a los de bata blanca la capacidad de medir los cuerpos, de medirlos para interrogar su pasado y, de remontarse a tres generaciones atrás, para definir su futuro. Así fueron unidas las estrategias de investigación de la herencia biológica, con las nociones aportadas por la puericultura francesa y la homicultura cubana,<sup>35</sup> para hacer de la reglamentación, la higiene y la educación, sus mecanismos de intervención social.

Esta vez, el potencial nacional fue medido en las pieles, las sexualidades, las enfermedades y las dimensiones corporales para establecer tres instrumentos mestizófilos: (1) la herencia de la raza mostraba el nivel estable del comportamiento biológico a través de las generaciones y prometía a la ciencia la capacidad de predecir las opciones mexicanas de regeneración racial a través del mestizaje.<sup>36</sup> (2) La herencia de la enfermedad alertaba sobre la transmisión patológica de generación en generación y ubicaba al control natal en el marco de un proyecto eugénico mestizófilo, capaz de prevenir su transmisión.<sup>37</sup> Y (3) se articulaba a una explicación de encadenamiento patológico que unía el comportamiento de la raza y la enfermedad a través de las generaciones, para ubicar allí una explicación de la miseria.<sup>38</sup> Esta operación les permitía comprenderla como inadaptación frente al medio y atarla al encadenamiento de herencia patológica, hasta sustentar que “un pobre engendra otro pobre”, hasta que no se rompa con la secuencia que marcó y nombró a los an-

ti-sujetos eugénicos de la nación. Negro, indio, epiléptico, silifítico, tuberculoso, miserable y sucio, fueron las sentencias derivadas del instrumento eugenista que sentenció el deber ser biológico de la raza mexicana.

### *Primera habitación: los científicos imaginan la utopía eugénica*

En 1919 el psiquiatra cubano-yucateco Eduardo Urzaíz bautizaría al sueño eugenésico con el nombre de Villautopía, un país gobernado por el ideal “humano” y la conciencia eugénica, donde se había erradicado la desigualdad y el Estado sólo cumplía una función administrativa. En la ciudad tecnológica de estilo “neomaya” con grandes avenidas y transportes aéreos, vivía el joven protagonista de la novela futurista, Ernesto del Lazo, quien era simplemente “una buena muestra de lo que los adelantos de la Higiene habían logrado hacer de aquella humanidad que, varios siglos antes, nosotros conocimos raquítica, intoxicada y enclenque.”<sup>39</sup> Su compañera Celiana, mayor que él, era una mujer inteligente y trabajadora pero imperfecta físicamente, quien había sido esterilizada con el propósito de evitar la degeneración de la especie. Una mañana, la cotidianidad de la pareja fue interrumpida con una carta del gobierno, que rezaba:

Al C. Ernesto R. Del Lazo.

Presente.

Atendiendo el Superior Gobierno a la robustez, belleza y demás circunstancias que en Ud. concurren, a propuesta de este Bureau, ha tenido a bien nombrarle Reproductor Oficial

de la Especie, durante el presente año y con los emolumentos que señala el Presupuesto vigente del Ramo.

Salud y Longevidad.  
El Presidente del Bureau de Eugenética,  
Dr. Remigio Pérez Serrato.  
Villautopía, Subconfederación de la América Central,  
2 de marzo de 2218.<sup>40</sup>

Tras las tribulaciones generadas por la traición hacia Celiana, impuestas por su trabajo patriótico, Ernesto decide cumplir con su función. Al llegar al Bureau de Eugenética lo sorprende una explicación sobre la capacidad masculina de madurar el feto en su cuerpo, una vez que el óvulo había sido fecundado y luego de una serie de procedimientos clínicos. Este avance era parte de un programa integral de selección iniciado desde la escuela primaria, cuando “después de un detenido estudio, tanto médico como psicológico, se decide qué niños deben ser esterilizados y cuáles no. Preferimos a los de tipo muscular puro y desechamos sistemáticamente a los cerebrales de ambos sexos, pues la experiencia ha demostrado que son pésimos reproductores; en caso de escasez, puede utilizarse a los varones de tipo respiratorio, a condición de cruzarlos luego con mujeres de tipo digestivo.”<sup>41</sup> Este proceso continuaba con un programa educativo en manos exclusivas del Estado.

Ernesto quedó sorprendido con el proyecto del que sería protagonista y sin decidirse del todo, comienza un período de desamoramiento de Celiana. Un día inesperado, conoce a la joven Eugenia, “una auténtica ingenua y una espléndida belleza”, que también había sido elegida como “reproductora oficial de la especie”.<sup>42</sup> Se enamoran y quedan literalmente “em-

barazados”, pues será Ernesto quien dará a luz, cumpliéndose la labor de ambos; mientras queda descrita la tragedia de Celiana, intelectual e imperfecta, sumida en la soledad.

En esta pequeña novela se describe un mundo ideal en el que ya no reina ni la democracia, ni el nacionalismo, ni el romanticismo. Se describe un mundo utópico en el cual se reivindican las relaciones afectivas fugaces y sin un propósito reproductivo, última función que quedaría en manos exclusivas de la ciencia eugénica custodiada por el Estado. Villautopía habla de la inauguración de la década de los años 20, en varios sentidos: remite a una discusión sobre el papel reproductivo de la mujer enfrentado a su participación en los campos científico, intelectual y laboral, encarnada en el personaje de Celiana; sin olvidarnos del problema de las relaciones afectivas enfrentadas a los intereses de la raza. También remite al temor científicista por la “degeneración racial” (controlada en la novela tras diversas guerras por la intervención biomédica); y conduce a una discusión sobre el papel que debía cumplir el Estado en la tarea de regeneración racial y en la educación de los menores. Este conjunto de problemas configuran propiamente a la sexualidad como centro de intervención de la acción eugénica y en consecuencia, la estructuran como laboratorio privilegiado y moderno de la raza.

### *Segunda habitación: los científicos se hacen Estado*

Sin llegar completamente a los extremos de la ciencia ficción, pero acercándose mucho, los hombres y las mujeres defensores de la eugenesia sustentaron sus acciones sobre el mismo debate político que insinúa la novela de Urzaiz y que expone con toda claridad el genetista estadounidense Char-

les B. Davenport: el principio político de la democracia, la igualdad ciudadana, no tenía un sustento biológico. “La acepción de la igualdad [afirmaba Davenport] que ha sido considerada el principio fundamental de la democracia es tan falsa como su acepción está justificada sólo en el campo de la experiencia política. Afortunadamente para la civilización [...] no existen dos individuos iguales en términos estructurales, fisiológicos, mentales y temperamentales.”<sup>43</sup> De tal forma, que la corroboración científica de la variación de la especie humana les permitiría ejercer un proyecto de selección artificial sobre la población, sin que ello implicara en su discurso una negación del principio político moderno. La separación de campos, fue un artificio utilizado por los eugenistas, especialmente en el terreno de la política posrevolucionaria, para articular discursos progresistas con medidas de intervención científicas autoritarias y excluyentes.

El determinismo biológico que intentaba aportar una explicación total de la sociedad estaba sustentado en dos premisas centrales, que son base a su vez de la aseveración que intentamos comprender: (1) el individualismo liberal y (2) el biologicismo spenceriano.<sup>44</sup> La sociedad era caracterizada desde aquí como un organismo compuesto por la agregación de individuos, cuyas características eran definidas por su constitución biológica y por las funciones que cada parte cumplía en el funcionamiento del organismo. Esta explicación era conjugada con la teoría evolutiva darwiniana sustentada sobre el principio de “variación”, para argumentar la inexistencia de un sustrato biológico de “igualdad”, que era fundamento de la lucha por la supervivencia. Aquella argumentación de la heterogeneidad, como máxima de la constitución del hombre, buscaba también aquel orden de regularidad que hiciera factible la clasifica-

ción “racial” de la población y cuya agregación suprema recaía en “la humanidad”. Basta con recordar la diatriba fundacional de la *Sociedad Eugénica Mexicana* (fundada en 1931 por el médico Alfredo M. Saavedra), “por una humanidad mejor”, para sintetizar el nivel superior de clasificación biológica definido por la división en especies y convertido en principio de reivindicación político de los eugenistas: “mientras las leyes humanas no resuelvan el problema del hombre dentro de la ética universal; y la Higiene sus problemas sanitarios, no se podrá corregir la vida a través de la Eugenesia”.<sup>45</sup>

Entre las razas y la humanidad, es posible diferenciar en los discursos eugenistas un eslabón central: el estado-nación, definido paradójicamente en términos del determinismo biológico homogeneizante, como la “raza mexicana”. Aquí nos conectamos con los ideólogos liberales decimonónicos y los indigenistas del siglo XX para decir, con la voz de los eugenistas, que la nación mexicana estaba constituida por la raza mestiza. Pero frente a esta afirmación ideológica del “deber ser”, se imponía una composición étnica y social marcada por la diferencia y la desigualdad. Frente a esta realidad que contrariaba el deseo, postularon una práctica eugenésica como “compensación de las desigualdades causadas por las desiguales condiciones higiénicas y de atención médica, que también ha descompensado el equilibrio de la naturaleza y que hará que los débiles desaparezcan sin dejar descendencia”.<sup>46</sup>

En este cuarto que se vuelve múltiple se forman los agentes mestizófilos, cuyo listado es extenso, aunque es posible trazarlo a través de sus principales. En la sucesión se encuentran médicos eugenistas que tenían cargos en el Departamento de Salubridad Pública: Alfonso Pruneda sería Secretario General

(1920 y 1924), Fernando Ocaranza estuvo en el Consejo Supremo desde 1921, Eliseo Ramírez en Sanidad, el Instituto de Higiene y el Laboratorio Central; Ángel Brioso Vasconcelos con diversos cargos en las décadas de 1920 y 1930; Octavio Rojas Avendaño, jefe del Servicio de Propaganda y Educación Higiénica, y director de la primera Campaña Antivenérea; Samuel Villalobos, jefe del Servicio de Enfermedades Transmisibles (1925-1935); y Alfredo M. Saavedra como jefe de Propaganda y Ejercicio de la Medicina en 1929. También se encontraban abogados y juristas entrenados en el derecho positivo, como Héctor Solís Quiroga y el médico Rafael Santamarina, quienes trabajaron en el Tribunal de Menores Infractores del D.F. Manuel Gamio, que asistiría por México al II Congreso Panamericano de Eugenesia y Homicultura, fue alto funcionario de la Secretaría de Agricultura y Fomento, y miembro del Consejo Consultivo de Migración.<sup>47</sup>

### *Tercera habitación: el diseño del vientre de la raza*

Desde el siglo XIX la mujer había sido objeto de observación científica y centro de atención de los instrumentos nacionalistas que buscaron en su capacidad genésica al vientre de la raza. Los médicos y antropómetras, preocupados por la clasificación racial y por la mortalidad durante el parto, midieron las pelvis femeninas, para encontrar en la pequeñez de las indígenas —con respecto a las europeas— primero, la causa de partos distócicos y luego, una nueva tipología métrica derivada del mestizaje.<sup>48</sup> La nueva tipología, original de los médicos mexicanos, encontró en el mestizaje entre indios y colonizadores blancos la explicación de la clasificación pélvica catalogada como “abarrotada”.

miento”.<sup>49</sup> Esta preocupación formaba parte de un campo imbricado entre la producción y la reproducción de una serie de discursos racistas y sexistas. La verdadera obsesión por medir las cualidades físicas de individuos y grupos, para desde allí establecer sus capacidades morales e intelectuales, está en la base de ambas producciones ideológicas, para saber ¿cuáles son las características biológicas de la población y cuáles sus posibilidades de redención o cura a través de la intervención científica?

También son reconocidas las investigaciones y teorías científicas que intentaron demostrar la inferioridad pretendidamente “natural” de la mujer, desde las mediciones craneales con los estudios de Paul Brocca y Lombroso que tendrían un eco importante en América Latina.<sup>50</sup> Desde aquí se siguió una ruta que intentó dotar de contenido científico a un juicio moral, reforzado por el catolicismo, que imponía a la mujer una vocación exclusiva de madre y una función de abnegación como garantía de cohesión familiar. Cuando, desde el siglo XIX, a estos prejuicios y preocupaciones se le agrega una dosis de nacionalismo, la mujer mexicana será convertida en el sujeto sobre el cual recae la responsabilidad de la reproducción del pueblo nacional. Desde aquí mismo, las indígenas serán representadas por las élites políticas e intelectuales como responsables de la sobrevivencia de la familia indígena, gracias a su sacrificio y trabajo. Ella:

Es digna de admiración en su abnegación y su capacidad de aguantar sin quejarse a un esposo indigno. Esta ausencia de vicios relacionados con la falta de “civilización”, la inaptitud para la modernidad y la incapacidad de integrar una sociedad nacional hace que la mujer indígena pueda ser un perfecto receptáculo para recibir y

transmitir las cualidades de los colonos europeos o de los mestizos, en todo caso mejores esposos que los indígenas.<sup>51</sup>

Desde su papel de “receptáculo” pasivo, se consideraba que en el acto de mestizaje sería el hombre quien transmitiría los “caracteres raciales” (europeos); mientras el papel femenino recaía en su rol de salvaguarda de la cultura nacional como protectora de la identidad religiosa y moral.<sup>52</sup> La invocación tácita de la Malinche parece inevitable; es reencauchada una y otra vez como acto fundacional y, más tarde, regenerador de la patria mexicana, para debatirse entre el repudio republicano inicial hacia el colono hispano y la afirmación del acto que inauguró al híbrido catalogado como “raza mexicana”. Entre el racismo hacia el indígena vivo y la búsqueda de su potencial para hibridarse, parte de la producción del sujeto medio nacional, aquella lectura de la mujer indígena va a permanecer durante la primera mitad del siglo xx.

La antropología indigenista hará lo propio para afirmar con la voz de Gamio que: “Nuestra mujer es uno de los tipos morales más apreciables y apreciados en el mundo femenino contemporáneo.” Esa mujer “nuestra” será la “mujer intermedia”, valorada como la verdadera mujer mexicana simplemente “femenina”, que forma parte de una trilogía tipológica que inicia con la “mujer sierva” indígena y termina con la “mujer feminista” masculinizada; cuya estimación será planteada como gradación mestizófila:

Lo que en síntesis hace excepcional a nuestra mujer femenina, es su innata aptitud para conectar, para refundir armónica y fructíferamente, características que son o antagónicas o se excluyen entre sí o coexisten en dirección paralela, pero que casi

nunca convergen: Vive a la vez cerca de la tierra y cerca del cielo, en lo natural y lo artificial, con la materia y con el alma.<sup>53</sup>

La mujer intermedia era la fórmula indigenista de un agente central del mestizaje, pues “tan clarividente habilidad, es fruto de la gramática parda que importamos de España y de la astucia indígena”. Para terminar su fórmula, afirmando que la mujer femenina es la que “con tan sabio y hondo instinto crea la familia y se constituye en esperanza de la raza”.<sup>54</sup> Esta afirmación racializada, se sustenta a su vez en una valoración de la nación, que deposita en la salud el motor del progreso de la Patria:

Porque hay que tener en cuenta que muchas enfermedades que pudieran llamarse morales y que constituyen grandes defectos característicos ya de nuestro pueblo, tales como la pereza, la inmoralidad y la falta de orden, de disciplina en todos los actos de la vida, no son sino consecuencia de muchas enfermedades atávicas producidas generalmente por los vicios, por los malos hábitos o por la absoluta indiferencia con que se ve la práctica de la higiene individual y social.<sup>55</sup>

La conclusión parecía recaer sobre un programa de educación capaz de instalar en las conciencias lo que estaba presente —pero tácito— en la constitución y herencia biológicas. Este sería parte del razonamiento común al grupo de médicos eugenistas, quienes para hacer de las mujeres el germen eugénico de la patria, liderarían una campaña para implantar el certificado médico prenupcial obligatorio y sancionar a la educación sexual escolar obligatoria; ambas postuladas como estrategias profilácticas que hicieran posible, desde la intervención estatal, el diseño científico sobre quiénes deben procrear y quiénes deben nacer.<sup>56</sup>



Cuarta habitación:  
políticas de producción del germen mestizófilo

Vengo a decirte lo que han descubierto los sabios del mundo sobre la manera de engendrar hijos sanos y fuertes, y sobre la manera de criarlos [...] cada hombre, cada mujer es un criador de nuevos hombres”<sup>57</sup>, anunciará con vehemencia *El Mensajero de Salud* editado por el Departamento de Salubridad Pública. El cuidado de la infancia orientado por la sanidad sería el campo privilegiado para la acción de la eugenesia en América Latina y, en efecto, a través de la puericultura los eugenistas mexicanos tuvieron una participación amplia en las discusiones públicas y en las medidas del Estado tendientes a legitimar una política paternalista que redefinió a la ciudadanía y nacionalizó el cuerpo de la mujer como “cuna de la nación”.<sup>58</sup> Allí estaba la higiene racial: “No es por ventura, algo que conmueve y anima, pensar en todo el inmenso bien que se le puede hacer a una raza... a la humanidad, atendiendo solícitamente a esos pequeños seres que son el germen innegable de futuras grandezas.”<sup>59</sup>

Quizás uno de los laboratorios privilegiados para producir el germen de la patria sería la campaña de Prevención Social, dependiente directa de la Secretaría de Gobernación, inspirada en los avances realizados profilácticos de los Estados Unidos, con la creación en 1926 del Tribunal para Menores Infractores del D.F. Se trató de un verdadero laboratorio racial, compuesto por las disciplinas científicas encargadas de medir el potencial de “readaptación” de los inadaptados, bien fuera por su constitución físico-biológica que incluía deficiencias mentales, falta de educación, pertenencia a una familia moral, nivel pobreza, condiciones higiénicas, hábitos o “malas compañías”.

A sus puertas llegaron los niños y las niñas infractores (menores de 15 años y, desde 1931, menores de 18), sospechosos de degeneración. La pequeña falta hizo que sus cuerpos, sus historias de vida, incluso sus habitaciones, fueran sometidas al escrutinio de las miradas expertas. Una vez ingresados comenzaba el vía crucis con paradas específicas. La primera consistía en un interrogatorio dirigido por la persona que fungía como trabajadora social quien, en lo posible, iba hasta su casa para elaborar un verdadero informe sobre sus condiciones de vida y la situación específica que produjo la comisión del “delito” con el propósito de describir al “medio criminal”.

El 7 de diciembre de 1927, la madre de María llevó a su “hija natural” por “mala conducta y abandono de su casa para malos manejos”. La investigadora social señala sus difíciles “condiciones económico-sociales”, consigna que “trabaja” como mesera en un restaurante y en una cafetería. Esta última descripción traza los linderos de un “medio extrafamiliar” marcado por una “ocupación moralmente peligrosa pues frecuentemente es motivo de amistad con personas vulgares y de pocos escrúpulos”. Con esta descripción fue diagnosticada: “parece que se trata de una niña de mala conducta, quizá motivada por sus malas tendencias, así como a la falta de una vigilancia estricta por parte de su madre, que en parte, es culpable del proceder de la joven.” Con tan mala suerte, que su examen médico la condenaba de antemano: “desflorada con uretritis y metritis blenorragica”. Conclusión: debía ser aislada e internada en la Escuela Correccional y Educativa para Mujeres, por «peligro de prostitución».<sup>60</sup>

Si la situación no se veía sencilla, como le sucedió a María, y si por algún motivo se trataba de una niña, casi siempre ingresadas por el mismo “peligro”, entonces seguiría la auscul-

tación médica, que terminaba por dibujar el cuadro del “cuerpo criminal”. Allí los médicos Rafael Santamarina o Roberto Solís Quiroga indagaban sus “antecedentes patológicos” (adquiridos y hereditarios), su constitución física y practicaban mediciones antropométricas hasta emitir un concepto cuyo “pronóstico con respecto a la herencia” sería marcado en todos los casos como “reservado”, además de remitir a procedimientos terapéuticos específicos de acuerdo al caso. De esta parada también salieron los diagnósticos privilegiados: heredo-sífilis, heredo-tuberculosis y heredo-alcoholismo, que los condenaban desde los hábitos de sus padres o abuelos. Cuando fue el turno de María, le fue agregado el presagio hereditario: “Herencia alcohólica-Estado degenerativo, orejas imposición directa-paladar alto-padece rinitis hipertrófica i. [intensidad] media, vulvovaginitis de origen infeccioso.”<sup>61</sup>

Inevitablemente seguiría su transcurso por una evaluación de corte psicológico realizada a través del registro del comportamiento de los menores, en la “Casa de Observación”, encaminada a encontrar la “mente criminal”. Allí se registraron los hábitos, la sociabilidad, los instintos y demás características que consideraban medían la adaptabilidad de los niños a una sociedad imaginada por la experticia científica. Felipe, ingresado por robo, quien vivía en un medio familiar inadecuado debido al alcoholismo de sus padres, fue diagnosticado por esta Sección en términos radicales: perverso instintivo, débil mental y “elemento peligroso para los demás”. Francisco, juzgado por homosexualismo, fue caracterizado por su “debilidad mental global con perversiones manifiestas del instinto sexual por detención de él en la fase homosexual”.<sup>62</sup> Psicológicamente los menores infractores fueron descritos como débiles mentales y caracterizadas sus tendencias delictivas, que en términos concretos dibujaban a

un enfermo constitucional-mental causado por una herencia alcohólica, sífilítica, tuberculosa o neuropática. Estos diagnósticos los enviaron a la evaluación pedagógica por parte de un maestro normalista, quien practicó pruebas de conocimiento para medir su grado de escolaridad. De sus tests resultarían los “retrasados escolares”, como en el caso de María, Felipe y Francisco.

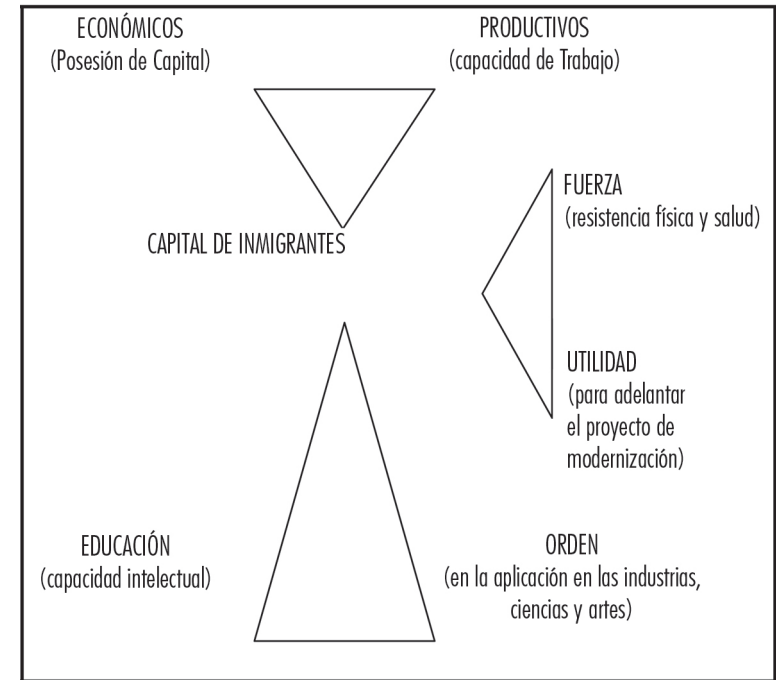
En estas cuatro salas se definió, entre los juicios morales concentrados en la familia como núcleo sagrado de la Patria y la sanción de la herencia biológica, el futuro de los gérmenes de la patria. El diagnóstico cultural de la nación (medido a través de las ambiguas clasificaciones raciales) fue entremezclado con el diagnóstico fisio-biológico y articulado con un diagnóstico psicológico, con los cuales se diseñó e implementó un dispositivo de prevención social hacia el pretendido punto medio de la nación, que actuaba sobre quienes creían eran la condensación compleja de los signos de degeneración racial. Las miradas expertas del trabajo social y la psicología,<sup>63</sup> y profesionales de la medicina y la pedagogía, fueron articuladas en la observación de los niños y las niñas para medir el medio, el cuerpo, la mente y el alma criminal a través del nivel de “perversión” y el grado de “readaptación” de los menores infractores, hasta decretarlos como sujetos posibles o imposibles de la nación. Abandonados, inadaptados, pervertidos, heredo-sifilíticos, heredo-alcohólicos, débiles mentales y retrasados escolares, fueron los nombres con los cuales se produjo el cuadro que los describió como enemigos internos de la nación. Trabajo, familia e higiene fueron los saldos comunes trazados con la gramática preventiva como estrategia de readaptación de los posibles ciudadanos útiles a la patria.

### Quinta habitación o el diseño del inmigrante deseable

¿Necesitamos inmigración?”, fue la pregunta anunciada por el escritor y funcionario del Departamento de Migración, Jorge Ferreris, en medio del creciente nacionalismo posrevolucionario. Algunos, habían acudido desde antes a diversos argumentos biologicistas para defender la necesidad de importación de extranjeros porque “el individuo aislado no es capaz de bastarse a sí mismo para satisfacer las necesidades de la vida: le son necesarios elementos extraños a su organismo” y por tal razón, “una Nación aislada es débil, es inculta, imperfecta, ignorante y miserable; por más que su suelo sea fértil y rico”.<sup>64</sup> Así se conformó la justificación para planear una política que atrajera a los inmigrantes como parte del proyecto nacionalista, que sería invocada posteriormente en el Plan Sexenal de Cárdenas, para definir una política preocupada por la distribución poblacional como principal problema demográfico, al que debía supeditarse el ingreso de extranjeros asimilables. Tres argumentos se esgrimieron en su defensa: (1) es necesario poblar al país, porque “no se puede tratar de mejorar nuestra población sin que ello implique, simultáneamente, densificarla”; (2) para mejorarla se imponía ampliar el mestizaje; y (3) para ello “necesitamos más inyecciones de sangre blanca” porque “entre nosotros, nuestro mestizaje tiende por sí sólo a obscurecerse”.<sup>65</sup>

Aquel debate sobre los inmigrantes vuelve a conectarnos con el planteamiento general del indigenismo en su premisa de asimilación a un mestizaje dirigido científicamente. Si para Gamio y los indigenistas que lo acompañaron en sus experimentos, la cuestión era discernir el potencial mestizófilo de los indígenas, para el debate migratorio el asunto se traducía en: “¿Qué clase de inmigración necesita-

### CRITERIOS PARA LA SELECCIÓN Y APROVECHAMIENTO DE INMIGRANTES



Si el siglo XIX podría ser caracterizado como la centuria de un esfuerzo de importación racial a partir de una concepción que planteó el traslado de extranjeros blancos con el propósito de repoblar el territorio; durante la primera mitad del XX será concebido y practicado a partir de una lectura selectiva que se postula en defensa de la sociedad mestiza mexicana y no al servicio del extranjero. Capital, trabajo y raza son los criterios planteados por una serie de ensayos e investigaciones que convergen, aunque con diferentes énfasis. Entre estos esfuerzos se delinean los rasgos de una política migratoria mestizófila que incluye la producción de las condiciones sociales para el crecimiento económico capitalista: importación de mano

de obra especializada y de capital extranjero, disciplinamiento de la mano de obra nacional, ampliación del consumo con la conformación de la clase media, la formación de ciudadanía y de pretendida “regeneración racial” a partir de la hibridación biológico-cultural entre nacionales e inyecciones de sangre nueva. El laboratorio nacional había sido planteado y allí ocuparía su lugar el problema de la inmigración.

Inspirados en modelos extranjeros, particularmente importados de los Estados Unidos, se produjeron los inmigrantes indeseables: negros, chinos, judíos, indostanos, turcos, sirio-libaneses, gitanos, que fueron constituidos entre estudios científicos y tratados internacionales como “enemigos externos” de la nación, a través de la complicidad entre funcionarios públicos y expertos, y en correspondencia con la forma como se estableció y desarrolló la premisa mestizofila “indo-latina”, de cuyo impulso haría parte el propio Gamio como miembro del Consejo Consultivo de Migración.

La primera “Ley de inmigración” posrevolucionaria fue sancionada en 1926, para subsanar la ineficacia de la legislación de 1908 en la prevención de la descomposición social. Se trataba de una ley que después fue valorada bajo el lente mestizofilo, para afirmar que “constituye un obstáculo grave que impide al gobierno seleccionar los elementos extraños que vienen a mezclarse con nuestra sociedad”.<sup>67</sup> Para tal propósito, establecía que todo inmigrante debía someterse a la inspección de las autoridades migratorias y a las facultades discrecionales del Ejecutivo para definir su ingreso al país. Además estableció la “tarjeta de identificación” de extranjeros y otorgó preeminencia al servicio de Salubridad Pública en el control migratorio.<sup>68</sup> Bajo su disposición se practicaron restricciones, confirmadas por el jefe del Departamento de Migración: “las nacionalidades cuya inmigra-

ción está restringida son: siria, libanesa, armenia, palestina, árabe, turca, china, rusa, polaca y la raza negra.”<sup>69</sup>

En 1930, fue aprobada la segunda Ley de Inmigración posrevolucionaria, que instituyó la incursión formal de saberes especializados en “problemas de población” dentro del Departamento de Migración. Dos medidas evidencian esta transformación: (1) la creación del Consejo Consultivo de Migración<sup>70</sup> y (2) la organización del Registro de Extranjeros como una medida “censal” centralizada de regulación sobre la población.<sup>71</sup> Su misión sería coordinar a las dependencias del Ejecutivo que tuvieran relación con los asuntos migratorios, a través de su representación con intelectuales de la talla de Manuel Gamio y Daniel Cosío Villegas. La reglamentación de la ley comenzó enunciando el dispositivo de selección racial como la dirección de una política de asimilación mestizofila: “Se considera de público beneficio la inmigración individual o colectiva, de extranjeros sanos, capacitados para el trabajo, de buen comportamiento y pertenecientes a razas que, por sus condiciones, sean fácilmente asimilables a nuestro medio, con beneficio para la especie y para las condiciones económicas del país”.<sup>72</sup>

A pesar de la restricción racialista, ni la Ley ni su Reglamentación incluyeron un desglose de las “razas indeseables”; esta sería una tarea a cargo de especialistas. En letras rojas y al margen, el Consejo Consultivo de Migración desglosó la tipología racialista aplicada a los extranjeros en la circular 157 de 1934, de carácter confidencial.<sup>73</sup> El documento, estableció una valoración racial, de nacionalidad, económica y política de los inmigrantes, en la que se reflejó el interés del Departamento por establecer una clasificación que, en su urgencia institucional, le permitiera unificar criterios, así como nombrar, identificar y regular el ingreso de “los indeseables”.

La tipología de “indeseabilidad” comienza con los inmigrantes de “raza negra”, quienes al lado de la “raza amarilla”, la “raza indoeuropea” y la “raza aceitunada”: “I. No podrán inmigrar al país, ni como inversionistas [...] ni como Técnicos Especialistas, Agentes Viajeros, Directores, Gerentes o Representantes de Negociaciones establecidas en la República, Empleados de Confianza, Rentistas y Estudiantes, los individuos de raza negra africana o australiana”. Con la excepción de: profesionistas o profesores cuya internación fuera solicitada por los organismos oficiales, de artistas y deportistas, así como de turistas que “por sus antecedentes sociales, económicos, culturales, literarios, artísticos, militares o políticos”, según informe consular, sean “dignos de tal franquicia”. En estos casos se requería la autorización de la Secretaría de Gobernación y el pago de un depósito individual de \$500.<sup>74</sup>

Partían de los “europeos” y seguían con la predilección panamericana de la que participaban y cuyo saldo heterodoxo sería la predilección por los inmigrantes de “raza latina”, quienes además —al decir del propio Gamio— “lo deseable es que vengan individuos de cultura superior, que traigan elementos y no se vuelvan una carga pública”. A la par debían seguir un plan de distribución geográfica acorde con las necesidades del proyecto indigenista. Por esta razón, debían instalarse “en una región muy al Sur en donde haya una proporción de raza indígena más grande que en el Norte, pues allí más bien existen terrenos propicios para cría de ganados en donde no puede haber colonización propiamente dicha.” Lo curioso es que una vez planteado este criterio y después de algunas reticencias, aprobara que estos inmigrantes sean también los “menonitas”, por los buenos resultados que su inmigración había aportado al país del norte.

Otros se declaraban más escépticos frente al mestizaje, como el delegado de Salubridad Miguel Bustamente quien sostendrá que “las dos primeras generaciones con seguridad no se mezclarán a los nuestros; hasta la tercera irá habiendo enlaces mixtos”. Y la mayoría se pondrá radicalmente del lado de las “razas asimilables” para rechazar la posibilidad de los menonitas y urgir el ingreso de italianos o escandinavos.<sup>75</sup>

En el Plan Sexenal de Lázaro Cárdenas se ponen en claro los tres criterios para estimular la inmigración, protegiendo al país y colocando la política mexicana sobre los extranjeros al servicio de los “intereses nacionales”: (1) “extranjeros fácilmente asimilables a nuestro medio, con preferencia los de cultura latina”; (2) “agricultores dotados de cierta preparación cultural y conocimientos especializados en su materia, que ayuden al cultivo de nuestros campos” y (3) “técnicos en determinadas ramas.”<sup>76</sup> Para garantizarlo, sancionaron la “Ley General de Población” de 1936, que formalizó el “problema de población” como un asunto de Estado y desde su nombre, articuló en la misma institución el gobierno sobre nacionales y extranjeros. Para tal labor creó la Dirección General de Población, asesorada por especialistas reunidos en el Consejo Consultivo de Población, ya no sólo dedicado a los asuntos migratorios. Se trata de una ley que articuló las necesidades de un proyecto mestizófilo con las urgencias de un gobierno radicalizado en defensa de los trabajadores, artistas e intelectuales nacionales. En sus motivaciones, la ley explicita la urgencia de acelerar el proceso de mestizaje con la asimilación de los extranjeros, la preparación de indígenas para la integración y la fusión étnica de los grupos nacionales.<sup>77</sup>

La medición del grado de “asimilación”, tan presente en la urgencia mestizófila, trazó los gestos de un camino en el que la cultura y la raza se volvieron a unir. El propio Consejo Con-

sultivo de Población enunció el dispositivo racial que se había ido perfilando en estas décadas como política del mestizaje:

1. Que la nacionalidad mexicana no está constituida por una raza pura, sino precisamente por un mestizaje que, siendo mayoritario en absoluto, da el tono de la Nación, y que por lo mismo, debe ser fortalecido fomentando la mezcla de razas existentes en México.
2. Que, consecuente con su idiosincrasia mestiza, el Estado Mexicano sigue una política de incorporación, absorción y asimilación de sus minorías raciales, y
3. Que, en consecuencia, no puede ser opuesto a la inmigración extranjera, como no lo es; ni tiene prejuicios raciales; pero los inmigrados deben pertenecer a aquellas razas a las que el pueblo mexicano puede asimilar.<sup>78</sup>

Las “razas asimilables” eran los europeos que, por su cultura, raza y espíritu laboral, fueran compatibles con el tipo nacional proyectado así como los inmigrantes procedentes del continente americano de “origen latino”.<sup>79</sup> La inmigración de españoles ocupó un lugar privilegiado y fue defendida por Gamio y Gilberto Loyo como uno de los elementos “más asimilables a nuestro medio”.<sup>80</sup> En pos de la aplicación de este precepto, Gamio propuso que a todos los inmigrantes de los “pueblos indolatinos” se les admitiera sin mayores trámites como inmigrantes hasta por un año, siempre y cuando “requieran ingresar al país para el exclusivo objeto de hacerse mexicanos”.<sup>81</sup> Incluso la iniciativa fue apoyada por los grupos nacionalistas, quienes exigieron la “restricción en forma radical, de la entrada al país de las razas que no tengan un origen latino”.<sup>82</sup> Pero el caso de los españoles frente al de una colonización menonita de Canadá, pone en tensión la premisa “latina” del dispositi-

tivo. Más aún, cuando los afrodescendientes cubanos engrosaron las filas de ese otro conjunto marcado con el mote “de color”, cuya conclusión práctica está documentada en las tantas solicitudes negadas, las familias separadas, las expulsiones y el rechazo recurrente.

A manera de ilustración, recurrimos a la experiencia de Henry Sims de Austin, quien animado por: “La viva simpatía que siento hacia el país de México, unida a la circunstancia de estar unido en matrimonio con una señora de nacionalidad mexicana, me hace desear obtener el permiso necesario para inmigrarme legalmente fijando mi residencia en la ciudad de Nogales, Sonora”.<sup>83</sup> La respuesta fue negativa, violando sin ningún argumento la Ley de Matrimonio mexicana, que permitía la inmigración de los cónyuges extranjeros de los nacionales. Un caso similar es el del residente afroestadounidense, a quien se le retira su pasaporte en Laredo, Texas, por ser un “migrante de color”. A pesar de las discusiones sobre el procedimiento irregular, el delegado local de Migración pretendió defender su comportamiento con la siguiente alerta: “Soy del parecer... se niegue lo solicitado por el mencionado Holland, en virtud de que esto sentaría precedente, para que otros individuos de la misma raza, pretendan establecerse en esta ciudad, permitiéndome advertir que se tiene conocimiento que algunas familias de raza negra, pretenden migrar”<sup>84</sup>.

El matrimonio con un sujeto de raza “indeseable” abolía, con una medida cientificista, el derecho de hacer familia en México. Una situación similar ocurría con el otro peligro de radicación de afrodescendientes<sup>85</sup>, hindúes, turcos, musulmanes o judíos: aceptarlos como sujetos de colonización. En marzo de 1934 Mandel E. Cohen solicita a las oficinas del Departamento de Migración crear un estado mexicano en

Baja California compuesto por inmigrantes judíos convertidos en ciudadanos mexicanos. La respuesta fue negativa, porque:

La colonización del territorio de Baja California, a base de elemento extranjero, y menos del elemento judío, cuya arrogancia y orgullo raciales son universalmente conocidos, y han provocado graves conflictos en otras naciones.

No solamente en época de crisis, sino en cualquier época normal, debe buscarse de preferencia la inmigración susceptible de asimilación a nuestro medio y la adaptación a nuestras costumbres y a nuestras leyes, y salta de manifiesto que en este caso no se encuentra la inmigración judía.”<sup>86</sup>

No tuvo mejor suerte, Chakib Saap, mexicano por naturalización, quien solicita la internación de dos sobrinos procedentes de Beirut, obteniendo una respuesta similar: “Que no es posible acceder a la admisión de sus sobrinos”.<sup>87</sup> Otros turcos solicitan su ingreso y les responden: “que personas de la nacionalidad de usted para ser admitidas en nuestra República necesitan traer consigo un capital no de cinco, sino de DIEZ MIL PESOS”.<sup>88</sup> Y los musulmanes no tiene mejor destino: “que no es deseable la inmigración de extranjeros a que se hace referencia.”<sup>89</sup> Los chinos, aunque restringidos desde su caracterización racial por la circular 157, quedaron muchas veces amparados en los tratados diplomáticos que garantizaban una cuota anual de inmigración.<sup>90</sup>

A este conjunto de peticiones denegadas por las restricciones asociadas con las razas y nacionalidades de los inmigrantes, se une la pasión sanitaria sobre los extranjeros. Un ejemplo ilustrativo resulta el expediente de un ciudadano ruso que solicita migrar con su familia, incluida “una hija

porobada”. La primera respuesta señala, sin vacilaciones: “Que las personas a que se refiere pueden inmigrar cumpliendo con la Ley; pero que la niña que tiene el defecto físico a que alude no podrá ser admitida por estar excluida por la misma Ley”.<sup>91</sup> Tras el envío de un registro médico que garantiza que el defecto no le impide cumplir con los servicios domésticos, aceptan su ingreso.

Las experiencias de los inmigrantes rechazados en las fronteras nacionales tienen la facultad de evidenciar las contradicciones a las que se enfrentaba el mismo dispositivo, en su triple conformación. El dispositivo racial se enfrentaría a un dispositivo de nacionalidad (prefigurado con el diseño de Tablas Diferenciales para el ingreso de extranjeros<sup>92</sup>), sustentado en una clasificación jerarquizada (biológica y política) que abriría las puertas y las cerraría dependiendo de su grado de “conveniencia” de acuerdo con el estereotipo mestizófilo. Estos se conjugaron con un dispositivo económico-laboral que terminó trazando los conflictos entre las urgencias de inversión extranjera, los pactos internacionales y la protección de los trabajadores nacionales (particularmente fuerte con la crisis de 1929) para signar las distintas “situaciones” de selección, de acuerdo con el capital económico y los requerimientos de mano de obra barata por parte de los empresarios.

En la conjugación entre instrumentos científicistas y su aplicación fue concretada una política pública mestizófila diversificada, elevada explícitamente como criterio de gobierno sobre la población, con la voz de la Sociedad Eugénica Mexicana y la Secretaría de Gobernación cardenista, en mayo de 1939:

Por lo que se refiere al mestizaje, ambas instituciones sostienen que éste sólo puede realizarse en la medida en que se eleve el nivel económico y social de las masas indígenas, y que

con extranjeros asimilables desde los diversos puntos de vista, el mestizaje sólo puede realizarse por ahora entre los grupos de inmigrantes blancos y los grupos mestizos que pertenecen a los estratos económico-sociales superiores.<sup>93</sup>

### *La política mestizófila o la producción de la certidumbre*

Los esfuerzos por hacer del mestizaje un camino certero de la mexicanidad fueron desarrollados en habitaciones simultáneas. En cada una de ellas fueron dispuestos los instrumentos para hacer de la ciencia un mecanismo de intervención política que haría de los sueños mestizófilos concreciones y de las concreciones una nación moderna. La operación parecía simple: a cada diagnóstico correspondería una estrategia, una fórmula moderna de intervención. Los problemas de constitución física y enfermedad fueron enfrentados con la retórica posrevolucionaria: revolución sanitaria, revolución de las conciencias y política de gobierno sobre la población. Salud/raza/educación/cultura se imbricaron los unos con los otros para diseñar los laboratorios donde fueron desarrollados e implementados los dispositivos mestizófilos descritos.

La lógica, los procedimientos y las conclusiones son reiterativos entre un experimento y otro, entre un laboratorio y otro, entre una sentencia y otra; así como su saldo vuelve a decirnos que la nación se hace con unos y no con otros, y que el proyecto pretendidamente “incluyente”, desarrollado en diferentes etapas durante estas décadas, marca y reitera “científicamente” las sanciones y los estereotipos de “lo indeseable”, producidos por el proyecto ideológico mestizófilo del siglo XIX y elevado a la categoría de proyecto nacionalista de Estado con la Revolución Mexicana triunfante.

Entre todos estos dispositivos, el punto es el siguiente: al mismo tiempo que Alfredo M. Saavedra y el promotor de la medicina social Alfonso Pruneda asistieron a las reuniones de la Sociedad Eugénica Mexicana, enviaron una propuesta a la Secretaría de Educación Pública para hacer de la sexualidad y de la mujer mexicana el vientre eugénico de la patria, a través de la instauración de la educación sexual escolar. A la par, los menores de familias populares que transitaban por la Alameda y que habían cometido alguna “falta” fueron conducidos a la Casa de Observación del Tribunal de Menores Infractores para ser medidos y clasificados por Rafael Santamarina desde antes de su nacimiento, con el propósito de defender a la sociedad de la “anomalía” y decretar científicamente su posibilidad de existencia moral. Simultáneamente, el indigentista Moisés Sáenz produjo el pueblo de Carapan en Michoacán como laboratorio de incorporación del “indio” y fracasó en su esfuerzo por hacer de la educación sustentada en la etnografía un dispositivo para “nacionalizar” a los pueblos. En otro cuarto, Manuel Gamio se reunió con el promotor de la demografía mexicana Gilberto Loyo para defender la inmigración de españoles y sentenciar a la “raza latina” como la adecuada al medio mexicano. Mientras los eugenistas lanzaban patadas de ahogado para intentar convencer a las familias y a la opinión pública de que la ciencia aplicada en manos del Estado era garantía para el fortalecimiento de la raza; María fue conducida a la Escuela Correccional por “peligro de prostitución”; el Congreso de La Unión aprobó el delito de peligro de contagio venéreo, una familia de braceros negros intentó cruzar el Río Hondo para trabajar en Quintana Roo y el Consejo Consultivo de Migración estableció que “consecuente con su idiosincrasia mestiza, el Estado Mexicano sigue una política



de incorporación, absorción y asimilación de sus minorías raciales”. Entonces las habitaciones parecen estar menos separadas y el mestizo aparece como producto de un esfuerzo autoritario, múltiple, diversificado y convergente para obrar la homogeneidad nacional.

---

**LA NUEVA CIENCIA DE LA NACIÓN MESTIZA:  
SANGRE Y GENÉTICA HUMANA  
EN LA POSREVOLUCIÓN MEXICANA  
(1945-1967)**

---

EDNA SUÁREZ DÍAZ  
ANA BARAHONA ECHEVERRÍA

*Introducción*

Los estudios de estructura poblacional y ancestría de poblaciones humanas han cobrado vigor en las últimas dos décadas como resultado de la producción y acumulación acelerada de datos de variabilidad genética, y de estudios genómicos que cristalizaron en el Proyecto Genoma Humano (concluido en 2003). En México, estos desarrollos se han enmarcado dentro del impulso a la medicina genómica institucionalizada en el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), fundado en 2004 como un centro de investigación adscrito a la Secretaría de Salud.<sup>94</sup> Nociones como la del “genoma mexicano” y estudios de ancestría de la “nación mexicana”, o el de “población mestiza” retoman categorías que cumplieron un papel en el contexto político dominante hasta hace cuatro décadas<sup>95</sup> y, si bien los científicos —en su mayoría— han sustituido el término “raza” por el de “grupo étnico”, los resultados y supuestos de estas investigaciones son tan problemáticos ahora como lo eran en-

tonces<sup>96</sup>. Tales categorías han sido *actualizadas (re-tooled)* en el marco de las nuevas tecnologías de la genómica: el uso de marcadores moleculares, la automatización de la secuenciación de DNA y de la creación de bancos genéticos, el uso intensivo de tecnologías bioinformáticas —que también automatizan los procesos de inferencia y toma de decisiones— y el apoyo de redes científicas globales.

Las prácticas mencionadas han transformado profundamente la organización social de las ciencias de la vida en las últimas dos décadas y, en muchas áreas de investigación, han alterado las preguntas, el tipo de modelos y representaciones que dan cuenta de los seres vivos. Sin embargo, estas transformaciones son el resultado de contextos materiales y cognitivos muy concretos —y actuales—, que se organizan alrededor de objetivos, presupuestos conceptuales, e incluso técnicas experimentales que pueden rastrearse a una historia de mayor duración en el estudio de la herencia, la variabilidad y la evolución. Esta historia, en la que destaca el uso de marcadores y reacciones moleculares en la comprensión de la estructura de las poblaciones humanas y sus enfermedades, se extiende a lo largo de todo un siglo, comenzando a inicios del siglo xx en Inglaterra y Alemania y, posteriormente, en los Estados Unidos.<sup>97</sup> Su análisis revela que el estudio de las poblaciones humanas cruza las decisiones, metodologías, debates, instituciones y, en general, la investigación y las relaciones sociales que se encuentran detrás de este campo de la biología que une a la genética y la evolución —seguramente el más conspicuo en términos de sus logros cognitivos, políticos y económicos. Más aún, las prácticas científicas asociadas a este campo han tenido una difusión global efectiva a lo largo del siglo xx y la reciente inserción de México no es una excepción.

En el presente capítulo nos referiremos de manera breve a unos pocos casos en la historia del uso de marcadores (datos) y tecnologías serológicas y moleculares en el estudio de poblaciones humanas en México. Al hablar de poblaciones “humanas” cabe revelar el supuesto que ha guiado a estos estudios, a saber, que las poblaciones mexicanas se agrupan en indígenas (amerindias), mestizas y —marginalmente— africanas. A partir de los primeros estudios de este tipo, en 1945, esta idea ha guiado las prácticas de la medicina genética en México, incluso en los casos en que —como veremos— los estudios moleculares se han resistido a revelar alguna “distinción” entre estas poblaciones. Diferentes científicos mexicanos, entre los cuales destacan Mario Salazar Mallén, Adolfo Karl, Rubén Lisker y Alfonso León de Garay desarrollaron estudios que perseguían objetivos muy similares a los que orientaban la investigación en otros países: el conocimiento de las variantes genéticas en distintas poblaciones humanas localizadas en el territorio nacional, con fines de investigación médica y clínica, así como estudios de ancestría de la población “mestiza” y de las poblaciones amerindias.

Seguramente una de las características que más llama la atención de estos estudios es el hecho de que se encontraban alineados a los desarrollos de vanguardia que estaban ocurriendo en otras partes del mundo: la creación de las primeras colecciones de datos y moléculas en los Estados Unidos e Inglaterra, el uso de marcadores y reacciones moleculares, y la aplicación de técnicas serológicas, inmunológicas y de electroforesis. Este alineamiento de prácticas, valores e intereses no es de ninguna manera casual. Si bien en este capítulo no profundizaremos en las muchas conexiones entre los investigadores mexicanos y los principales centros y exponentes de estas prácticas en Inglaterra y los Estados

Unidos, una primera mirada nos revela las intrincadas relaciones y la vastedad de las redes de colaboración; éstas no se limitan a colaboraciones “científicas”, restringidas a relaciones entre laboratorios de investigación. Al igual que los proyectos ingleses y estadounidenses se desarrollaban en el marco de las universidades e instituciones gubernamentales de la posguerra, las investigaciones mexicanas se desarrollaron en un marco institucional y político concreto, marcado a nivel internacional por la posguerra, y a nivel nacional por la etapa de auge en la construcción del Estado mexicano posrevolucionario.

La posguerra, en particular, tiene consecuencias cruciales en la reorganización de la investigación biomédica básica en los países industrializados, como lo han mostrado numerosos estudiosos<sup>98</sup>. Básicamente, este período se define por un aumento exponencial —hasta fines de los años 60— en la inversión de los Estados nacionales en la investigación biomédica básica, a diferencia de la inversión filantrópica que caracteriza la primera mitad del siglo xx<sup>99</sup>. Esto mismo ocurre en México, que se constituye en un aliado estratégico —aunque “excéntrico”— de las economías aliadas en este período. La particularidad de nuestro país se centra en que este contexto de posguerra se cruza con el proyecto de nación del México posrevolucionario, que vive en esas décadas uno de sus momentos más pujantes en lo que a construcción de instituciones se refiere. Si la posguerra alentó la creación de Estados nacionales como grandes inversores en la ciencia y la tecnología, en México el Estado benefactor debía primero cubrir necesidades esenciales en ciencia y educación, en particular en las comunidades marginadas del país —las indígenas—, preocupaciones que no fueron ajenas a instituciones extranjeras.

El presente trabajo es un primer análisis comparativo de los objetivos y técnicas movilizadas por los estudios de poblaciones humanas entre 1945 y 1967 principalmente en Gran Bretaña, los Estados Unidos y en México. Nuestro objetivo es mostrar de qué manera los médicos mexicanos de mediados del siglo xx movilaron los recursos institucionales y retóricos del Estado mexicano posrevolucionario —distintos a los del mundo anglosajón en que estos estudios se originaban— para implementar las técnicas y supuestos de los estudios europeos y norteamericanos de la posguerra. En el ámbito mexicano aún hay mucha investigación y trabajo histórico por hacer, pero no pretendemos aquí una investigación exhaustiva. Para lograr nuestros objetivos creemos que es suficiente presentar los elementos más relevantes de estos desarrollos paralelos. Iniciaremos con una somera descripción de las técnicas serológicas, inmunológicas y bioquímicas, así como el contexto social en que se desarrollan en otros países, para después describir algunos proyectos representativos realizados en el México de la posguerra, los cuales hacen ver la continuidad de prácticas, tecnologías y conceptos, pese a la discontinuidad de instituciones y situaciones políticas nacionales. Esta asimetría será discutida en la parte final del capítulo.

### *Mobilización de recursos*

El estudio de poblaciones humanas mediante el uso de reacciones moleculares, y en particular de estudios serológicos e inmunológicos, no se inicia en la posguerra sino que nace con el siglo xx. A lo largo de más de un siglo de existencia, este campo de investigación es revelador en varios sentidos.

En primer lugar, parte de la idea de que la especie humana se compone de grupos naturales distintos, o razas. Si bien la noción de razas humanas se establece en la historia natural del siglo XVIII, aún a finales del siglo XIX la antropología física era la disciplina encargada de proporcionar evidencias morfológicas (muy especialmente antropométricas) en torno a la existencia de las razas y sus peculiaridades. A partir de las primeras décadas del siglo XX esta primacía va a ser disputada<sup>100</sup> por un nuevo enfoque centrado en el uso de marcadores serológicos, bioquímicos y en general molecular, que en la década de 1960 recibió el nombre de “antropología molecular”<sup>101</sup>. En el caso específico del México posrevolucionario la historia nacional se ha escrito alrededor de una narrativa racial, que si bien otorga un papel privilegiado —e ideológico— al mestizaje, incluye a los pueblos indígenas originarios (amerindios), europeos y, de manera marginal pero importante, el influjo de las poblaciones africanas<sup>102</sup>. La idea de raza cumple un papel central en la identidad nacional mexicana hasta la actualidad<sup>103</sup>.

En segundo lugar, y desde el punto de vista de la cultura material, el elemento más conspicuo de este campo de investigación ha sido, y continua siendo, la *sangre*, como objeto de estudio privilegiado. Desde sus orígenes a inicios del siglo XX en la *serología racial*, pasando por los estudios inmunológicos, las colecciones y análisis de hemoglobinas anormales y proteínas de la sangre, hasta las recientes bases de datos ubicadas en lugares como el NCBI.<sup>104</sup> La sangre es el elemento que por un siglo ha unido a los pueblos y grupos humanos (muchas veces situados en condiciones extremas o excepcionales) y los laboratorios de investigación alrededor del mundo. El hecho de que estos estudios se enfoquen en proteínas y reacciones que se localizan en el flujo sanguíneo tampoco

es casual. Tales desarrollos se vieron inicialmente impulsados en el contexto de la Primera Guerra Mundial con el uso masivo de transfusiones sanguíneas y el desarrollo de la inmunología<sup>105</sup> y, posteriormente en el transcurso de la Segunda Guerra Mundial, por necesidades similares. Pero no fueron solo las necesidades propiamente *médicas* de la guerra las que constituyen un elemento promotor de estas investigaciones, sino sobre todo la concentración, tanto en los ejércitos aliados como en las prisiones de guerra, de soldados provenientes de distintas regiones del mundo. Los ejércitos, aun en la Segunda Guerra Mundial, reflejaban la historia colonial de las potencias, y esta condición constituyó una de las fuentes más importantes de materiales (muestras sanguíneas) en los estudios de variabilidad humana.

Es en Alemania donde se realizaron algunos de los hallazgos más importantes acerca de los tipos sanguíneos, los estudios y teorías del funcionamiento del sistema inmune a fines del siglo XIX e inicios del XX<sup>106</sup>. Posteriormente, la vanguardia en este tipo de investigación se localizó en Gran Bretaña y los Estados Unidos, donde migraron la mayoría de los científicos alemanes (inmunólogos y bioquímicos) más destacados en este campo<sup>107</sup>. En el marco de la primera posguerra sobresale el matrimonio Herzfeld, quienes mostraron la heredabilidad de los grupos sanguíneos A, B y O en 1919. Durante la Segunda Guerra Mundial destacó el inmunólogo Hermann Lehmann al que nos referiremos más adelante. Cabe señalar que muchas de las técnicas y el enfoque serológico desarrollados en las primeras décadas del siglo XX se siguieron utilizando en las décadas que abarca este capítulo (1945-1967) y, asombrosamente, se siguen utilizando hoy en día apoyados por los recursos tecnológicos e informáticos de la nueva genómica (ver por ejemplo la base

de datos de grupos sanguíneos del NCBI, National Center for Biotechnological Information de los Estados Unidos).

Pese a que los Herzfeld no creían en la “mística de la raza”, sus estudios sobre la distribución de los grupos sanguíneos ABO los llevaron a afirmar que la humanidad podía dividirse en tres grandes grupos: europeos, intermedios y asiático-africanos. Como ha señalado Jonathan Marks (1996), esta clasificación no aportaba nada a lo que la antropología física y la cultura popular tenían ya como un hecho. Más aun, en los siguientes años se hizo cada vez más claro que los datos de las frecuencias de los grupos ABO no eran fácilmente interpretables en términos poblacionales y que no aportaban evidencia clara de las divisiones de la especie humana. Además, no existía un buen modelo que explicara las relaciones entre tipos sanguíneos y grupos humanos. Se pensaba, por ejemplo, que los tipos “puros” A y B habían colonizado a las poblaciones con un originario tipo O, en una clara referencia a la colonización europea de África y América. Sin embargo, en 1940, William Boyd hizo ver que los tres tipos sanguíneos ya existían en los primates; antes de la aparición de *Homo sapiens*<sup>108</sup>. En las décadas que siguieron a la primera clasificación racial de los Herzfeld, diferentes serólogos, con diferentes muestras y distribuciones de datos, proporcionaron nuevas clasificaciones y propusieron distintos números para las razas humanas: Reuben Ottenburg proponía seis, mientras que Laurence Snyder ocho<sup>109</sup>.

Tras la Segunda Guerra Mundial era claro que los datos serológicos no permitían resolver los grupos humanos o razas. También era claro que la acumulación de este tipo de datos —por sí mismos— constituía una tendencia importante. En gran parte, estos eran los únicos datos empíricos sobre poblaciones humanas que alimentaban a la naciente

genética de poblaciones, e importantes evolucionistas como J. B. S. Haldane creían que aportarían datos genéticos valiosos<sup>110</sup>. Conforme fue avanzando la llamada molecularización de la biología<sup>111</sup>, estos datos pasaron de ser “complementarios” en los estudios de evolución y variabilidad, a ser considerados “superiores”, en medio de una fuerte oposición de los evolucionistas tradicionales<sup>112</sup>. Así, por ejemplo, en las décadas de 1940 y 1950, Alexander Wiener, médico neoyorquino quien en 1937 había descubierto el factor Rh, junto con su tutor, el prestigiado inmunólogo alemán Karl Landsteiner, se propuso elaborar una prueba sanguínea (las llamadas huellas digitales sanguíneas o *blood finger-printing*) que permitiera identificar individuos con objetivos criminales. El sondeo de los diferentes factores sanguíneos que le permitieran identificar el origen de los individuos (su huella digital sanguínea) condujo a Wiener a estudiar numerosas poblaciones alrededor del mundo, incluidas poblaciones mexicanas y australianas, desde su laboratorio en el Hospital Judío de Brooklyn. Colateralmente, los estudios de Wiener llevaron a comprender y mejorar los procedimientos de transfusión sanguínea. Así pues, no es difícil comprender que Wiener, junto William Boyd, encabezaran el primero de una serie de debates contra los antropólogos físicos “tradicionales” al sostener, contra Ashley Montagu, que los datos serológicos pronto superarían las mediciones de huesos en los estudios sobre evolución y grupos humanos.

Simultáneamente a los estudios serológicos en la posguerra se desarrollaron muchas otras técnicas que incluían estudios sobre la variabilidad de los grupos sanguíneos y sobre la variación de las moléculas de la sangre, como la hemoglobina. Éstos se ilustran de modo sobresaliente con el trabajo de Hermann Lehmann (1910-1985) en Inglaterra, en su labora-

torio en la Universidad de Cambridge. De origen alemán, Lehmann estudió medicina en Friburgo, Fráncfort, Berlín y Heidelberg, para estudiar posteriormente bioquímica con Otto Fritz Meyerhof (1884-1951) en Heidelberg. Lehmann había abandonado Alemania por razones políticas y se instaló en Cambridge en 1936. Dos eventos importantes le permitieron desarrollar sus estudios de grupos sanguíneos. El primero, ser nombrado médico oficial de la Royal Medical Corporation en India y Uganda en los últimos años de la guerra, donde obtuvo muestras de sangre y se familiarizó con los problemas de salud en los trópicos. El segundo, cuando el químico y fundador de la biología molecular Linus Pauling (1901-1994) y sus colaboradores propusieron en 1949 un mecanismo para explicar la anemia falciforme; una forma defectuosa de la molécula de la hemoglobina. A partir de entonces, y en esa época como patólogo clínico del Hospital Bartolomé en Londres, Lehmann se interesó por la naciente idea de la “enfermedad molecular”, y dedicó su investigación al estudio de las hemoglobinas anormales convirtiéndose en un experto a nivel internacional.

Lehmann no era el único en este campo cuyos trabajos habrían de tener importantes consecuencias en los estudios de evolución molecular. Los años cincuenta son un período de intensa proliferación en las técnicas de análisis y “separación” molecular, enmarcadas por el impulso que los gobiernos y la industria daban a este tipo de investigación. Así, en 1953, Harvey Itano del equipo de Linus Pauling en el Instituto Tecnológico de California —y quien había colaborado en la elaboración del mecanismo de herencia de la anemia falciforme— propuso un sistema de clasificación de las hemoglobinas anormales. Una nueva técnica era crucial en los estudios de hemoglobinas anormales de Lehmann y de Ita-

no: la electroforesis de zona, que permitía distinguir variantes de una molécula de proteína.

Esta técnica superaba a la original electroforesis de “límites” (*boundary electrophoresis*) desarrollada por Arne Tiselius en la década de 1930<sup>13</sup>. La nueva técnica, desarrollada a inicios de la década de 1950 por Tiselius en su laboratorio de Uppsala (tras obtener el Premio Nobel en 1948) y por otros científicos, permitió separar y distinguir entre dos especies moleculares de proteína utilizando una mínima fracción de la proteína necesaria para la técnica original. Para ello requería una superficie “sólida” y distintos materiales fueron utilizados y probados a lo largo de la década de 1950.

La electroforesis en papel fue desarrollada en 1952 en el Rockefeller Institute for Medical Research de Nueva York por Rober Slater y Henry G. Kunkel (un inmunólogo que había estudiado en Uppsala con Tiselius), mientras que la electroforesis en gel de almidón fue desarrollada en la University of Toronto por Oliver Smithies<sup>14</sup>, y finalmente la técnica de gel de poliacrilamida por Leonard Ornstein y Baruch J. Davies en el Mount Sinai Hospital de Nueva York<sup>15</sup>. Una ventaja importante de la nueva electroforesis de zona es que, a diferencia del original aparato de Tiselius, costoso y enorme, los nuevos aparatos eran cajas pequeñas que se fabricaban en serie, accesibles por su bajo costo, y se acomodaban en una mesa común de laboratorio. Esto facilitó su exportación a otros países y con ello la difusión de las nuevas prácticas científicas en el estudio de poblaciones humanas alrededor del mundo.

Una segunda técnica llamada inmuno-electroforesis, combinaba la electroforesis de zona con los ensayos inmuno-químicos (reacciones de identificación de antígenos que se servían del uso de antisueros) fue desarrollada en 1953 por Pierre Grabar y Curtis Williams del Instituto Pasteur de París.

Poco después, la llamada *finger-printing* de proteínas combinaba la electroforesis y la cromatografía en papel y permitía analizar proteínas en dos dimensiones. En los años que siguieron, y particularmente en la década de 1960 tanto el *finger-printing* como —sobre todo— los ensayos inmunoquímicos, se convirtieron en las técnicas más utilizadas en estudios de antropología molecular<sup>116</sup> con los científicos más destacados de este campo a inicios de la década de 1960<sup>117</sup>.

Aún en la posguerra, todas estas tecnologías se sustentaban en la accesibilidad de un material con un enorme significado simbólico: las muestras sanguíneas.<sup>118</sup> Al revisar, por ejemplo, los primeros ensayos de la electroforesis de zona realizados por Gordon<sup>119</sup> se enlistan, en las proteínas analizadas, no sólo la hemoglobina sino la hemocianina, la ferritina, y las proteínas del plasma sanguíneo. Lo mismo ocurre con la introducción de la electroforesis en gel de almidón en la siguiente década: Smithies hizo ver que su nuevo método de separación permitía observar componentes del suero sanguíneo hasta entonces desconocidos<sup>120</sup>. Esta es una constante de todos estos estudios y en realidad resulta prácticamente imposible citar una investigación de esta época que no se centrara en el análisis de los componentes de la sangre.

La historiadora Soraya de Chadarevian<sup>121</sup> ha afirmado que la molécula más representativa de la historia de la biología molecular no debería ser el DNA sino la hemoglobina. El caso de Lehmann es particularmente importante debido a que reunió la primera colección o *banco* de hemoglobinas. Gracias a su conocimiento teórico y médico, a las oportunidades de la guerra y a la introducción de metodologías novedosas como la electroforesis en gel, que permitía diferenciar entre las hemoglobinas normales y las anormales, Lehmann pudo dirigir sus investigaciones hacia el análisis molecular y de genética

de poblaciones de los hemoglobinas anormales y sus interacciones con enfermedades como la talasemia por un lado, y hacia el conocimiento clínico y funcional de los defectos de las hematopatías para diferenciarlas de las anomalías básicas de la estructura normal de la hemoglobina, por el otro.

Tras la guerra, Lehmann, para proseguir sus estudios, movilizó los recursos del Hospital San Bartolomé de Londres y del recién creado Medical Research Council, agencia creada para el desarrollo de las ciencias de la vida en Gran Bretaña. Estas instituciones operaban normalmente en el marco de una cultura política y científica local las condiciones excepcionales de la guerra, que permitían centralizar decisiones y concentrar sujetos de la investigación (prisioneros) proveyó, al grupo, fuentes y datos invaluable. La colección de hemoglobinas anormales que Lehmann consiguió acumular constituyó la base de muchos de los primeros estudios de enfermedades moleculares y de evolución molecular humana o antropología molecular.

En el contexto de la posguerra, y debido al desprecio por el eugenismo nazi, los estudios de serología y de la distribución de los grupos sanguíneos se desarrollaron para medir la variabilidad intra-específica en genética de poblaciones en humanos. La introducción de nuevas técnicas como la electroforesis en gel y la cromatografía en papel fueron rápidamente incorporadas en estos estudios. El trabajo de Harry Harris con isoenzimas humanas, realizado también en Gran Bretaña (publicado en 1966), por ejemplo, es considerado como una piedra angular para el desarrollo de la genética de poblaciones humanas usando las técnicas de electroforesis. En dicho artículo, Harris documentó estimaciones de polimorfismos enzimáticos para los grupos sanguíneos A, B, AB y O y comparó estos datos con los respectivos polimorfismos

en poblaciones europeas y africanas. Se rebeló en él la existencia de diferencias significativas y la frecuencia de heterocigocis por locus entre los diferentes grupos étnicos. “El agrupamiento de las poblaciones no era ya adscrita a un locus, sino a las frecuencias de los alelos en los diferentes y a la cantidad de polimorfismos presentes en cada población.” El período en el que se localizan estos estudios, como ya mencionamos, se caracteriza por una gran inversión en ciencia y tecnología en los países aliados por una gran inversión en investigación biomédica. Los Estados Unidos e Inglaterra, en particular, por primera vez invirtieron más en investigación que las fundaciones filantrópicas del pasado<sup>122</sup>. En este período se crean y apoyan agencias como el Medical Research Council (MRC) —Gran Bretaña— y el National Institute of Health (NIH) —los Estados Unidos—. Investigadores mexicanos como Salazar Mallén y Rubén Lisker posteriormente se vieron beneficiados por becas y apoyos del MRC y del NIH y del US Public Service respectivamente.

El contexto de la posguerra hizo que la medición de la variabilidad genética en las poblaciones naturales durante la década de 1950 se constituyeran en un problema crucial en el marco de los estudios —encabezados por diversas agencias norteamericanas, japonesas, y particularmente por la Organización Mundial de Energía Atómica— sobre el efecto de las radiaciones en las poblaciones humanas.<sup>123</sup> Diferentes historiadores<sup>124</sup> han hecho ver la importancia de esta agencia en el desarrollo de la genética y la bioquímica, enmarcados en el proyecto de “Átomos por la Paz”. México tampoco aquí fue una excepción, como veremos a continuación en el caso de León de Garay, quien desarrolló sus investigaciones en este campo y fue representante mexicano ante estas agencias internacionales.

### La genética en México

En consonancia con lo que ocurría en Europa y los Estados Unidos, a mediados de la década de 1940 aparecen en México las primeras publicaciones en las que se aplica el conocimiento formal de la genética para estudiar al humano, y en las que se correlaciona la aparición de ciertas enfermedades o condiciones con factores hereditarios. Estos primeros estudios se enmarcaban en la llamada genética médica, es decir, trataban de entender los posibles factores genéticos y ambientales que influían en la frecuencia de una patología en la población o en estudios familiares, la interpretación de pruebas cromosómicas y bioquímicas, y el manejo de las enfermedades hereditarias en general: de genética clínica, que se encargaba de la atención al paciente. En este contexto se desarrolló con fuerza la genética humana con un espectro mucho más amplio, y entendida como el estudio no sólo de las patologías, sino del reconocimiento de las causas y los mecanismos por medio de los cuales funciona y se transmite el material genético.<sup>125</sup> Pero también este enfoque comprendió las investigaciones serológicas y genéticas sobre grupos humanos, particularmente indígenas.

La genética de población fue la primera rama de la genética médica desarrollada en México por el grupo encabezado por Mario Salazar Mallén (1913-1976) en el Hospital General de la Secretaría de Salubridad y Asistencia y en el Instituto Nacional de Cardiología. Salazar Mallén estudió en la Escuela Nacional de Medicina en donde recibió su título en diciembre de 1936. Un año después emigró a Nueva York a especializarse en alergia y medicina interna. A su regreso en 1938, fundó el primer Servicio de Alergia de México en el Hospital General, y es considerado como el fundador



de la Escuela Alergológica Mexicana. Fue el primer presidente de la Asociación Mexicana de Genética Humana y pionero de la genética de poblaciones humanas en México.

Salazar Mallén pretendía entender la herencia y distribución de ciertas patologías en relación con enfermedades inmunológicas. Las primeras publicaciones de su grupo datan de 1944<sup>126</sup>, pero sin duda dos de los trabajos más importantes son los que se publicaron en 1949 y en 1952 usando como marcador el aglutinógeno en 7 poblaciones indígenas y una mestiza del Distrito Federal para la caracterización de los grupos sanguíneos. El resultado de estos estudios permitió encontrar una elevada frecuencia de los genes O, M y C en las muestras indígenas, semejante a la de otros grupos amerindios, con lo que él creía poder explicar la baja frecuencia de la anemia hemolítica del recién nacido por incompatibilidad en el sistema Rh.

La técnica del aglutinógeno utilizada en estos trabajos por Salazar Mallén había sido desarrollada por Durham y Gruber en 1922. Se basaba en la reacción del antígeno, cuya primera versión, la reacción de la precipitina, había sido refinada en 1904 por George Nuttall en Inglaterra, publicado en su clásico libro sobre las aplicaciones de la serología a los estudios de parentesco evolutivo entre especies (*Blood Immunity and Blood relationship*). Cabe mencionar que Salazar Mallén ubicaba su proyecto en consonancia con lo que el grupo de Alexander Wiener estaba haciendo a nivel mundial con distintas poblaciones indígenas, desde Australia hasta México, pasando por las poblaciones afroamericanas de Nueva York<sup>127</sup>. En especial, Wiener había colaborado con J. P. Zepeda y otros para llevar a cabo su estudio de la distribución del grupo Rh en poblaciones indígenas mexicanas<sup>128</sup>, y las investigaciones de Salazar Mallén buscaban explícitamente continuar su trabajo<sup>129</sup>.

Es importante destacar la ayuda personal e institucional con que contaba el grupo de Salazar Mallén entre los arqueólogos y antropólogos mexicanos a su regreso al país. En su artículo de 1952, por ejemplo, los reconocimientos al trabajo de investigación incluyen al Prof. Alfonso Caso, Pablo Martínez del Río y Rafael Molina Betancourt: “brindaron ayuda muy valiosa en la elección de nuestras muestras en facilitar la cooperación de los indios... quienes hicieron posible nuestras visitas a las zonas Chamula y Otomí”<sup>130</sup>. Cabe recordar que Alfonso Caso, después de haber sido rector de la UNAM en 1944-1945, fue director fundador del Instituto Nacional Indigenista (INI) en 1948 y que Pablo Martínez del Río fue fundador y primer director de la Escuela Nacional de Antropología e Historia (ENAH) en 1942. Resulta interesante, pero no del todo sorprendente en el contexto de la posrevolución mexicana, ver a estos reconocidos estudiosos y defensores de las comunidades y las culturas indígenas en compañía de dos importantes generales de la historia política del México de esas décadas: Grajales, director del Colegio Militar en 1945, y Alfonso Corona del Rosal, también abogado y político, quien en ese momento ocupaba un puesto en el Senado.<sup>131</sup>

Como mencionamos en la sección anterior, en la década de 1950 nuevos desarrollos en los métodos de separación de macromoléculas biológicas aceleraron el estudio molecular de los componentes de la sangre y su relación con la estructura de las poblaciones humanas. Uno de los primeros trabajos que utilizó como marcador genético las hemoglobinas anormales y la técnica de la electroforesis en filtro de papel fue el de Adolfo Karl, de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del Instituto Politécnico Nacional en 1957. Siguiendo con la línea establecida por Salazar Mallén, en

1957 Adolfo Karl publicó un primer estudio sobre la distribución de las hemoglobinas anormales en un grupo de mazatecos de la cuenca del Papaloapan. Usando la técnica de la electroforesis de zona, analizó 123 muestras de sangre. Al respecto cabe citar directamente a Karl:

Se recibieron 123 muestras de sangre coagulada que constituyeron el motivo del presente estudio; estas sangres pertenecen a indígenas *controlados* por el Instituto Indigenista (*sic*) y fueron seleccionadas tomando en consideración que no existiera parentesco cercano entre algunos de ellos<sup>132</sup>.

En los estudios serológicos del grupo de Salazar Mallén se hace referencia a la participación del INI (mal citado por Karl como “Instituto Indigenista”). Y reveladoramente de las relaciones de la ciudad —y más específicamente de las poblaciones “blancas” o mestizas— con los grupos indígenas, Karl se refiere más que a “colaboración” (como Salazar Mallén) a los “indígenas controlados” por dicho instituto. En este momento de nuestra investigación no podemos afirmar si este equívoco se refiere al control que el INI tenía sobre las muestras sanguíneas (más que sobre las personas).

Ahora bien, los resultados del estudio fueron explícitamente negativos: nada particular revelaron acerca de la sangre mazateca, pese a que Karl señala que “la antropología ha encontrado una valiosa ayuda al estudiar la distribución de las hemoglobinas humanas en las diferentes razas”<sup>133</sup>. Para afirmar lo anterior, Karl citaba a estudiosos de la genética humana como A. H. Banton, quien investigaba la heredabilidad de la talasemia (enfermedad asociada a una variante de la hemoglobina) y a otros expertos en la estructura de la hemoglobina como Harvey Itano. Pese a las expectati-

vas de Karl, los ensayos que utilizaron la nueva técnica de electroforesis en papel, mostraron la preeminencia de la hemoglobina tipo A en los mazatecos sin la presencia de hemoglobina fetal o anormal.

Lo anterior permitió a Karl resumir lo siguiente: “a) que en el grupo Mazateco de indígenas mexicanos hay una alta frecuencia del gene o grupo de genes que inducen la formación de la hemoglobina A; b) que los individuos estudiados son, muy probablemente, homocigóticos para dichos factores; c) que no parece que existan mecanismos génicos o de otra índole, que bloqueen o inhiban la formación normal de hemoglobina A y; d) que, por el momento, no es posible adelantar ninguna información acerca del mecanismo hereditario de la hemoglobina A.” Karl agradece la ayuda técnica de Salazar Mallén —entre otros, y por supuesto al “Instituto Indigenista” (*sic*), así como a una “Srta. Alba Tuena la ayuda prestada al seleccionar y obtener las muestras”<sup>134</sup>. No es claro en nuestra investigación, por ahora, el papel de estos intermediarios, y los mecanismos por los cuales el INI obtenía y proporcionaba las muestras de sangre, si bien sugeriremos una hipótesis de trabajo en la parte final de este capítulo.

Como hemos reiterado, los estudios realizados en poblaciones indígenas mexicanas estaban en consonancia con lo observado en otros laboratorios de investigación —con otras poblaciones- de la época. Sin embargo, no tuvieron impacto en la genética mexicana sino hasta que empezaron a utilizarse nuevos marcadores y técnicas novedosas como la electroforesis en gel de almidón y en gel de poliacrilamida para medir la variabilidad genética de las poblaciones mexicanas.

El milagro mexicano: Rubén Lisker,  
Alfonso León de Garay y el uso de la electroforesis

A partir de la década de 1960 puede hablarse de la institucionalización de la genética en México. Tras dos décadas de predominio de la genética vegetal —ligada al desarrollo de la agricultura— la genética adquirió importancia también en el estudio de animales. Quizás no sorprendentemente este campo se desarrolló a partir de los grupos dedicados al estudio de poblaciones humanas en las décadas anteriores, especialmente el de León de Garay. A partir de la década de 1960 y durante la década de 1970, destacan dos importantes grupos o núcleos de investigación: el de Rubén Lisker y sus colaboradores en el Hospital de Enfermedades de la Nutrición (HEN, después Instituto Nacional de la Nutrición Salvador Zubirán, INNSZ) con énfasis en genética de poblaciones de marcadores genéticos; y el encabezado por Alfonso León de Garay en el Programa de Genética y Radiobiología de la Comisión Nacional de Energía Nuclear (CNEN), fundado en 1960, con énfasis en genética y radiobiología. En conjunto, estos estudios contribuyeron enormemente al desarrollo y consolidación de la genética humana en México y sería imposible en el contexto de este artículo detallar sus actividades<sup>135</sup>.

La trayectoria de Rubén Lisker, además de influyente en las nuevas generaciones de genetistas humanos en México, corre en paralelo con desarrollos que se llevaban a cabo en otros países. Lisker nació en Nueva York en 1931 y hasta los 18 años gozó de la nacionalidad estadounidense. En 1948 ingresó a la Facultad de Medicina de la UNAM, y uno de sus profesores fue Salazar Mallén. Posteriormente, entre 1954 y 1957, Lisker se especializa en hematología en el Michael Reese Hospital de Chicago, Ill., bajo la supervisión de Karl Sin-

ger, médico vienés emigrado a los Estados Unidos<sup>136</sup>. Singer, en ese entonces, utiliza las técnicas experimentales más avanzadas en el estudio de la sangre, como recordaría Motulsky recientemente<sup>137</sup>.

Al regresar a México en 1958 Lisker funda, para subsistir, un laboratorio de análisis clínico (sobresaliendo los hematológicos) y finalmente en 1965 logra, con ayuda de Salvador Zubirán y Guillermo Soberón, una beca del NIH que le permite permanecer entre 1966 y 1967 en la División de Genética Médica de la Universidad de Washington en Seattle con Arno Motulsky: otro emigrado alemán a quien seguramente había conocido en el Michael Reese Hospital de Chicago ya que ambos trabajaban bajo la supervisión de Singer<sup>138</sup>. Ya antes Lisker había publicado estudios de características hematológicas en poblaciones mexicanas<sup>139</sup> y, si bien sus primeros trabajos fueron sobre coagulación sanguínea, desde muy temprano su interés se centró en la caracterización genética de las poblaciones mexicanas, campo en el cual sus trabajos son reconocidos internacionalmente<sup>140</sup>.

Cabe mencionar que Arno Motulsky es considerado hoy en día el padre de la farmacogenómica, ya que en 1957 publicó un importante artículo en el que mencionaba el impacto negativo que tenían dos fármacos al interaccionar con enzimas producidas por ciertos genes humanos. Aunque los resultados de Motulsky no fueron aceptados ampliamente en un primer momento, su trabajo se considera fundamental y pionero de la era de la medicina genómica, y a sus ochenta y cinco años sigue siendo un reconocido investigador en la Universidad de Washington. Lisker, cabe apuntar, publicó otros trabajos con él<sup>141</sup>. Es esta línea de investigación la que constituye el eje formal de la investigación actual en el INMEGEN, a través de la escuela de genetistas

humanos formada por Lisker (es decir, los efectos diversos que distintos fármacos pueden tener en constituciones genéticas distintas). Así, para Lisker, el estudio de las poblaciones humanas en México tiene no sólo un interés claramente antropológico, sino una clara utilidad en la medicina.

Los estudios de marcadores moleculares en la sangre, como la deficiencia de la glucosa-6-fosfato-deshidrogenasa (6-PGD), proporcionaban información en los “grupos indígenas y mestizos” acerca de la ocurrencia de anemia hemolítica en estas poblaciones; como había establecido Carson en 1956<sup>142</sup>. En las décadas siguientes el grupo de Lisker ayudó a identificar más variantes de esta enzima, de la cual en la actualidad se conocen más de 100 tipos distintos. Asimismo, Lisker y su grupo, utilizando electroforesis en gel de almidón, lograron identificar numerosas variantes de la albúmina de la sangre, iniciando en 1966 con una “variante México” presente exclusivamente en indios zapotecos y en poblaciones mestizas de la Ciudad de México<sup>143</sup>. Como puede apreciarse, este tipo de investigación es paralela a las colecciones de hemoglobinas anormales que encabezan Lehmann en Cambridge e Itano en Caltech. La recopilación de datos y muestras es otra de las características dominantes de este campo.

Para este estudio, realizado con apoyo del US Public Health Service, Lisker contó con 281 muestras de suero provenientes de comunidades mestizas, zapotecas (123) y mazatecas (20), y mayas (263). En este caso los agradecimientos no se dirigen al INI, sino específicamente, en el caso de las muestras de indígenas mayas, a los doctores E. Giles y M. Yokoyama.

Simultáneamente a los estudios de Lisker, De Garay se centraba en el estudio de variantes de la misma enzima. Alfonso León de Garay (1920-2002) provenía de una familia de hacendados que se remonta al virreinato. De Garay estudió

la carrera de medicina en la Universidad Autónoma de Puebla concluyendo en 1947, pero la situación del país no era idónea, así que “en esas circunstancias de plano la situación era muy tensa y me tuve que venir, por eso no pude terminar”<sup>144</sup>. La familia regresó a México y mucho tiempo después, en 1979, obtuvo el grado de Doctor en Ciencias (Biología) en la UNAM, bajo la dirección del Dr. Alfredo Barrera.

En 1957 decidió hacer estudios doctorales en el extranjero y se puso en comunicación con Lionel S. Penrose, estudiante de J.B.S. Haldane, quien era en ese momento el director del Laboratorio Galton en el University College de Londres, Inglaterra, para explorar la posibilidad de llevar a cabo estudios de genética de poblaciones en su laboratorio.

Gracias a una beca de la Agencia Internacional de Energía Atómica (AIEA) De Garay pudo realizar sus estudios en el Reino Unido durante dos años, al tiempo que de manera extraoficial fue admitido en los establecimientos nucleares de la Universidad de Harvard. Durante su estancia en Inglaterra conoció a reconocidos evolucionistas como John Maynard Smith y fue alumno de Haldane y de Ronald Fisher de quienes aprendió genética de poblaciones. Gracias a estas conexiones, pudo invitar posteriormente a México a líderes internacionales en el campo como Hans Kalmus, Krishna Dromanrajú —alumno y heredero intelectual de Haldane—, Louis Levine y a uno de los genetistas de poblaciones más importantes, Theodosius Dobzhansky, entre otros.

Desde el inicio del proyecto de creación de la AIEA se convino en que todos los países miembros formaran sus propias comisiones nacionales para asistir a las asambleas correspondientes. De Garay, estando en Inglaterra, asistió a la asamblea general como acompañante de la representación inglesa en 1957 y ahí conoció a la delegación mexicana

formada por José María Ortiz Tirado, Nabor Carrillo, Manuel Sandoval Vallarta y Salvador Carmona, quienes le urgieron a terminar sus estudios y regresar a México a fundar un laboratorio de radiobiología en donde se iniciaran los estudios acerca de los efectos de las radiaciones en la salud.

De Garay regresó a México a finales de 1959 debido, en parte, a la dificultad de continuar con sus estudios doctorales y fundamentalmente por la invitación que le hiciera la delegación mexicana durante la reunión de la naciente AIEA. Un año después, en 1960 se fundó el Programa de Genética y Radiobiología de la CNEN con la finalidad de “contribuir a la conservación de la salud, el mejoramiento físico y mental y la prevención de enfermedades, mediante la investigación de los factores que intervienen, favorable o desfavorablemente en la herencia biológica de la población”<sup>145</sup>. Fue en este laboratorio donde De Garay llevaría a cabo sus investigaciones en diferentes líneas y con diferentes enfoques<sup>146</sup>. En este trabajo nos centraremos en los estudios para la determinación de la variabilidad genética en poblaciones indígenas mexicanas.

Como mencionamos anteriormente, De Garay estudiaba la misma enzima, la 6-PGD, utilizando también electroforesis en gel de almidón<sup>147</sup>. Entre los colaboradores de este artículo se contaban, además de León de Garay, el mismo Paul Carson (quien había relacionado en primer lugar a la variante con la enfermedad), de la Genetics Clinic de la University of Chicago. Al igual que el grupo de Lisker las investigaciones realizadas por De Garay se extienden por más de tres décadas, pero aquí nos interesa llamar la atención en dos aspectos de este trabajo pionero a mediados de la década de 1960. Por un lado, que el objeto de este estudio es la detección de variantes de esta enzima que ya se habían detectado en:

*Caucasians of European origin and of Negroes of the United States (...). A similar variant was the found in a Turkish family; subsequently several examples of the same variant were discovered in population and family Studies of Lacandon Indians in Chiapas Mexico. Later, during the course of the United States Survey, this new variant was also found in a Caucasian male of European origin*<sup>148</sup>

Caucásicos de origen europeo y de en los Estados Unidos (...). Una variante similiar se encontró en una familia de origen turco; posteriormente, muchos ejemplos de la misma variante se descubrieron en estudios de las poblaciones y familias de indígenas lacandones en Chiapas, México. De la misma manera, durante la encuesta de los Estados Unidos, ésta nueva variante también se encontró en un hombre caucásico de origen europeo. [Traducción del autor]

La cita anterior nos hace ver la extensión de las muestras y la diversidad de las poblaciones estudiadas, pero también, a contracorriente de lo que parecen defender los autores, que: la distribución de la variante no tiene que ver —necesariamente— con una población y menos aún con el tipo de grupo y categorías raciales utilizadas tradicionalmente en este tipo de estudios: caucásicos, negros (*sic*), turcos y lacandones pueden presentar la variante enzimática. ¿Por qué asociar la presencia de una mutación a categorías raciales?

El segundo punto que nos interesa resaltar en el caso de De Garay se refiere a las redes de colaboración que abarcan sus estudios. De manera más explícita que en el caso de Lisker, el proyecto de De Garay refleja el intrincado tejido de las agencias internacionales en el marco de la posguerra (especialmente la Comisión de Energía Atómica) y la realidad nacional e indígena de México. Los agradecimientos incluyen, de nuevo, una

beca del US Public Health Service, la ayuda del personal de la Universidad de Ohio y a la Comisión Nacional de Energía Nuclear de México (y en particular a dos de sus directores, José M. Ortiz Tirado y José Gorostiza). Y, significativamente, al Dr. Alfonso Caso, director del INI, “por facilitar y apoyar los estudios en México”<sup>149</sup>. Más aún, tratándose de un estudio que tuvo por objeto a miembros de las comunidades lacandonas de Chiapas, “una población maya marcadamente endogámica”<sup>150</sup>, una de las poblaciones más segregadas de México, el acceso a la selva y a las comunidades debió presentar un reto particular. Un reto que requirió, además de transportación aérea a las zonas chiapanecas, la ayuda de redes locales que contaban con la confianza de las comunidades. Así, se incluye notoriamente a Gertrude Duby, quien proporcionó, por ejemplo, “información histórica y familiar para los indígenas.”<sup>151</sup>

Tiempo después, De Garay fue nombrado embajador en Israel de 1979 a 1983. A su regreso a México fue asesor científico del director del Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares (ININ), Carlos Vélez. A la salida de Carlos Vélez como director del ININ, fue separado definitivamente de su cargo<sup>152</sup>.

### *La posguerra y las instituciones posrevolucionarias en México*

Resulta crucial dar cuenta de las continuidades de estos estudios en México, con lo que ocurría en Inglaterra y los Estados Unidos; la coordinación de las prácticas de antropólogos culturales, educadores y médicos rurales con los proyectos científicos modernizadores de la capital.

El México de la década de 1950 y aun hasta finales de 1960 no requería de las condiciones excepcionales que hemos

descrito de la guerra en Europa para permitir la centralización de recursos y la realización de campañas, como la ejemplificada por la toma de muestras sanguíneas con ayuda de la infraestructura del Instituto Nacional Indigenista, sobre las que Salazar Mallén y, posteriormente, León de Garay y otros genetistas realizaron sus estudios.

Es de hacer notar que los contextos políticos y sociales son muy distintos de las mismas técnicas serológicas, inmunológicas y de electroforesis en papel y gel de almidón que fueron utilizadas con objetivos muy similares. Estas técnicas no eran especialmente sofisticadas, ni costosas, como ya mencionamos. Pero su alta movilidad y accesibilidad no explica del todo la alineación de intereses entre los científicos mexicanos y las condiciones que hacían posibles estos estudios en comunidades indígenas preservadoras de su integridad y desconfiadas de los proyectos modernizadores. Específicamente, cabe señalar la importancia de las políticas de salud e indigenista bajo el régimen posrevolucionario. Destaca el papel crucial que los proyectos indigenistas han jugado en la reunión de muestras sanguíneas a lo largo del estudio de poblaciones humanas hasta el día de hoy. Irónicamente es durante el período presidencial de Miguel Alemán, caracterizado por su política industrializadora y modernizadora del país (1946-1952) que se crea el Instituto Nacional Indigenista (1948), con la promoción de su primer director, el arqueólogo Alfonso Caso.

A partir de sus estudios de las culturas mixteca, zapoteca y mexica, y especialmente en la zona arqueológica de Monte Albán, Caso se había interesado por las condiciones de vida de las comunidades indígenas contemporáneas, desarrollando un proyecto social y humanista que quiso plasmar en el Instituto Nacional Indigenista—centrado en el significado del “ser indígena”— al cual dedicó los últimos 22 años de su vida. Bajo su

tutela y en pleno auge del desarrollo modernizador de México en 1951 (en el período presidencial de Ruiz Cortines), Caso pone en funcionamiento decenas de Centros de Coordinación en diferentes comunidades indígenas del país, con un énfasis en la educación y la salud rurales. La forma en que estos Centros de Coordinación actuaban a nivel local, de manera específica de acuerdo a las necesidades y costumbres locales, ha sido poco abordada, aunque algunos pocos trabajos de historiadores profesionales han comenzado a estudiarlos en detalle<sup>53</sup>.

Nuestra hipótesis es que estos Centros de Coordinación, sumados a la voluntad política en altas esferas de decisión (como la de Caso, pero también otros como Martínez del Río, Corona del Rosal y Grajales), constituyeron elementos esenciales, en la mayoría de los estudios genéticos de poblaciones humanas de finales de las décadas de 1940 y 1960. Probablemente, estas redes constituyen el antecedente que da cuenta, hoy en día, del papel “introducción” que juegan los antropólogos sociales para la obtención de muestras de sangre en comunidades indígenas; como algunas de las obtenidas por el INMEGEN para su estudio del año 2009. La coordinación entre la política local y las instituciones posrevolucionarias de México, y los intereses y tendencias de la investigación de los países aliados industrializados, no puede ser más clara que en el caso de Alfonso León de Garay, en el que la biología —genética— de la era atómica se mezcla con las prácticas del que era considerado el país con la política indigenista más avanzada de esa época (México), y en el que una nueva clase política e intelectual tomaba la batuta del llamado desarrollo estabilizador.

En entrevista con Ana Barahona, por ejemplo, De Garay recuerda que su padre, que estudió leyes, pertenecía al grupo de los “7 sabios” de la Facultad de Derecho de la UNAM, encabezado por Alfonso Caso, Lombardo Toledano y Gó-

mez Morín. Sin embargo León de Garay no se cuenta entre los siete personajes usualmente enumerados de este grupo. No habría que descartar una conexión familiar o amistosa de largo alcance entre León de Garay y Caso.

Las instituciones del régimen posrevolucionario involucradas en estos estudios no se limitaron al INI. Como vimos, los trabajos de carácter inmunológico y serológico de Salazar Mallén en la década de 1940 se inscriben, tras su regreso de Nueva York, en contextos como el Hospital General de la Secretaría de Salubridad y Asistencia, y el Instituto Nacional de Cardiología. Lisker, por su parte, también desempeñó su labor en el Instituto de Nutrición, parte de los institutos de investigación de la Secretaría de Salud en México y símbolo de las políticas de bienestar social de los gobiernos de esa época.

### Conclusiones

Pese a la multitud de recursos conceptuales, políticos y materiales movilizados en el estudio de poblaciones mexicanas en la posguerra, nuestro estudio parece corroborar la afirmación de Jonathan Marks de que, al final, los estudios de antropología molecular no han aportado una visión distinta a la de la antropología física. Por el contrario, los supuestos de esta disciplina se han mantenido y reforzado.

Desde sus inicios en la colonia, el régimen sociorracial de México ha asumido como dada la existencia de grupos distintos: indios (amerindios), europeos (caucásicos) y africanos, a partir de los cuales se elaboró un complejo sistema de castas que fue reducido, en el siglo xx, a la idea del mestizaje. Los tres grupos mencionados, que conforman la “nación mexicana”,

son los mismos grupos reconocidos en los estudios mencionados en este ensayo. Cabe mencionar que la investigación serológica, inmunológica y bioquímica de poblaciones humanas en las décadas de 1940 a 1960 no se dio exclusivamente en el contexto del conocimiento de “nuestros ancestros”, sino enmarcada en el pujante proyecto nacional que buscó extender los servicios médicos y de salud a toda la población mexicana. Si bien los supuestos de la clasificación racial van a informar todos estos proyectos de investigación, su finalidad parece inscribirse, en la mayoría de los casos, en la extensión de dichos programas de salud a las comunidades rurales y, más específicamente indígenas, que a intentos de normar eugenésicamente a la población mexicana.

Lo anterior coincide, a nivel internacional, con un descrédito de la genética humana tras los horrores de la Alemania nazi. Y, a nivel nacional, con el apaciguamiento de las corrientes revolucionarias y la restauración de las relaciones con las potencias aliadas en los regímenes de Miguel Alemán (1946-1952) y Adolfo Ruiz Cortines (1952-1958)<sup>154</sup>.

Durante el llamado “milagro mexicano” (como hubo un milagro japonés o un milagro europeo de la posguerra) se da el auge del proyecto social y humanista posrevolucionario, encarnado en personajes de la antropología social y la arqueología nacionales como Alfonso Caso y Martínez del Río. A esto debemos sumar las conexiones locales con las comunidades indígenas (como lo muestra el caso del muestreo de comunidades lacandonas) desarrolladas en un período de crecimiento del Estado benefactor. Paradójica, pero no sorprendente, el México posrevolucionario, que mezcla el proyecto de bienestar social con la ausencia de instituciones democráticas y la prevalencia de gobiernos centralistas, constituye el contexto donde las intenciones e intereses de destacados hu-

manistas se alinean con intereses políticos diversos, en este caso representada por destacados militares como Francisco Grajales y Corona del Rosal. Es así que creemos que los estudios de medicina genética de poblaciones indígenas, histórica y geográficamente aisladas, juegan un papel sumamente sugerente para una historia social del México posrevolucionario.

Por último queremos decir unas palabras respecto a las distintas “asimetrías” que observamos en este estudio preliminar comparativo. El proyecto de bienestar social del Estado mexicano difería en muchos aspectos del proyecto de desarrollo capitalista de los países anglosajones y en general los aliados de “Occidente”<sup>155</sup>. Sin embargo, México era un aliado útil y necesario, y ya durante la Segunda Guerra Mundial distintas instituciones de los Estados Unidos promovieron —con distintos grados de éxito— proyectos modernizadores —y propagandísticos— con sus homólogos mexicanos, algunos de los cuales se enfocaban a la salud y educación (alfabetización) de comunidades rurales<sup>156</sup>.

El enorme gasto en investigación biomédica que caracteriza a la posguerra se vio reflejado en la creación de una amplia y poderosa comunidad científica en los Estados Unidos e Inglaterra que, en la década de 1970, comenzó a dar frutos en sus relaciones lucrativas con la industria. Esto no ocurre en México, en donde los estudios de medicina genética escasamente se transformaron en proyectos de medicina rural o en la creación de un *establishment* científico poderoso frente al gobierno y la industria nacionales (si bien cabe recalcar que la investigación médica y biomédica en México ocupa un gran porcentaje de la investigación científica).

Pese a estas diferencias, observamos cómo los supuestos, conceptos y, particularmente las técnicas experimentales se mantienen relativamente estables y trascienden contextos



adaptándose a las circunstancias y problemáticas locales. Quizás esto es posible dada la convergencia de los intereses de la posguerra y su adopción por las nuevas generaciones de mexicanos en las clases gobernantes, quienes —en especial a partir del régimen de Alemán— compartían valores y aspiraciones similares<sup>157</sup> a las de sus homólogos anglosajones.

Los estudios bioquímicos e inmunológicos de proteínas de la sangre y el uso de distintos tipos de electroforesis es tan común en los Estados Unidos e Inglaterra como en México. Los investigadores mexicanos habían traído rápida y eficientemente esas técnicas mediante redes informales sustentadas en instituciones. En referencia al circuito París-Nueva York descrito en los trabajos de historia de la biomedicina por Jean-Paul Gaudilliere<sup>158</sup>, debemos dedicar más atención al circuito México-Nueva York en nuestra comprensión de la historia reciente de las ciencias de la vida en nuestro país.

---

SECCIÓN II

---

**EL INSTITUTO NACIONAL  
DE MEDICINA GENÓMICA**

---

---

**GENÓMICA NACIONAL:  
EL INMEGEN Y EL GENOMA DEL MESTIZO**

---

CARLOS LÓPEZ BELTRÁN  
FRANCISCO VERGARA SILVA

*La ceremonia*

El 11 de mayo de 2009 en una impresionante ceremonia oficial muy difundida en los medios, Gerardo Jiménez Sánchez, Director a la sazón del Instituto Mexicano de Medicina Genómica (INMEGEN) entregó de mano al Presidente Felipe Calderón un pequeño artículo publicado en las Actas de la Academia de Ciencias de Estados Unidos (PNAS) llamado: “Análisis de la diversidad genómica en México”<sup>159</sup>. El boletín de prensa que el INMEGEN preparó para la ocasión sostenía que dicho trabajo también se conocía como: “El mapa genómico de los mexicanos”<sup>160</sup>.

La entrega oficial ritualizada en un artículo científico relativamente menor hecho por un pequeño grupo de investigadores, no muy conocidos, al Jefe de Estado es un evento excepcional digno de atención aun en nuestras ceremoniosas sociedades latinoamericanas<sup>161</sup>. ¿Qué tenía de especial ese “mapa” que mereciera tal despliegue? Dicha ceremonia sólo puede entenderse como el efecto de un proceso, como

el desenlace de una trama desplegada por un sector de la comunidad de investigación biomédica mexicana para posicionarse a la vanguardia de la investigación genómica nacional y para hacerse con una importante porción del financiamiento público dedicado a la salud. Si bien los resultados presentados en la ocasión pudieran capearse con la retórica del interés nacional y del futuro de la salud pública mexicana, el simbolismo y el lenguaje utilizados trascendieron el ámbito de la salud pública y claramente se adentraron en cuestiones ideológicas y de identidad nacional. El hecho de que el reporte que se entregó en las manos más importantes del país fuese llamado públicamente y con engolamiento *El genoma* (o el *Mapa genómico*) del mestizo mexicano nos brinda una clave para nuestra labor hermenéutica.

En nombre de la nación, el presidente recibía, metafóricamente, la custodia del código biológico identitario del mexicano, pero el trabajo presentado sólo muy remotamente podía entenderse así. En el texto de la publicación, sus autores aclaran sin ambages que consiste solamente en un “primer bosquejo” para construir una herramienta biomédica útil para futura investigación (“una evaluación inicial de los beneficios potenciales de generar un mapa de haplotipos para optimizar [...] los estudios de asociación genética de los mexicanos”). Pero si sólo se atiende la forma en que fue descrito a la prensa y a los políticos, y al día siguiente en los periódicos ante el público general, es fácil concluir que se trató de presentar como un gran acontecimiento científico, como la primera gran investigación genómica que develaba el secreto de lo que realmente son los mexicanos en el fondo de su enraizada armazón biológica. Una obra maestra de la investigación científica de la cual todos los mexicanos debíamos enorgullecernos.

La dimensión y grandilocuencia de la ceremonia de esta presentación pública del genoma mexicano fue ciertamente influenciada por el dramático episodio de influenza AH1N1 que vivió la Ciudad de México. El 11 de mayo de 2009 se estaba en plena “emergencia sanitaria”. En ese contexto, Julio Frenk, uno de los promotores del INMEGEN como Secretario de Salud en el sexenio previo, aprovechó la ocasión para afirmar que el genoma del mexicano recién descubierto podría brindar “una posible explicación” de por qué el virus AH1N1 estaba siendo letal para algunos mexicanos, mientras que en otros países los índices de recuperación de los infectados era del 100%<sup>162</sup>. La genómica médica, estaba implicando, nos daría la llave de la vida y de la muerte del mexicano.

Con el simbolismo de entregar al presidente esta llave del genoma mexicano, el Director del INMEGEN daba a entender que mediante la posesión y control de tal riqueza nacional, los mexicanos asegurábamos el control de nuestros genes. Con ello, además, tendríamos acceso a futuros valores económicos y culturales basados en saberes biomédicos que habrían de ser definidos y controlados por la nación (encarnada en el Estado, su sistema de salud y, específicamente, el INMEGEN). En este aspecto se definió, frente a aspiraciones neocoloniales de proyectos biomédicos extranjeros, la llamada soberanía genómica<sup>163</sup>. Entre otros aspectos, se reciclaba la cuestión de la propiedad nacional tanto de la población que habita dentro de nuestras fronteras, como de las muestras biológicas que vienen de ahí, para propósitos científicos y biomédicos. El estilo tan ostentoso de presentación y la vívida retórica empleadas en la ocasión, apuntaban a asegurar una sensación de urgencia, de oportunidad y de alta calidad científica por medios publicitarios. Se trataba de una acción política exagerada de los promoto-

res de un proyecto que habían, por meses, anunciado su mapa del mexicano como una gran meta.

La publicación del artículo del genoma mestizo mexicano fue el primer resultado científicamente validado (evaluado por expertos) que surgió del proyecto insignia de la primera etapa del INMEGEN. Desde 2005 había sido promovido repetidamente en la prensa mexicana como un importante acontecimiento en el ámbito científico nacional que (al menos retóricamente) podía ser comparado con grandes empresas científicas contemporáneas como el Proyecto del Genoma Humano. La gran inversión pública para crear un nuevo instituto nacional de investigación médica estaba así más que justificada. Se obtendrían pronto retornos abundantes en términos del mejoramiento de la salud pública y del control nacional de la información genómica mexicana<sup>164</sup>. Las promesas ya conocidas de la genómica médica se repitieron aquí. Las críticas a ésta, no tanto.

El artículo del genoma mestizo fue precedido, durante muchos meses, por algunos anuncios preliminares de los avances de su investigación por el INMEGEN a casi todos los medios de comunicación. Lo que era patente en casi todos era el esfuerzo para convencer al público mexicano de que al INMEGEN le tocaba la tarea de revelar ante ellos su genoma particular. Con el paso del tiempo, el proyecto insignia del INMEGEN fue referido públicamente de diferentes formas. Se dijo que era el capítulo mexicano del proyecto del Genoma Humano, que era un complemento necesario del Proyecto internacional de mapa de Haplotipos (HapMap). También se describió como el equivalente mexicano del Proyecto Mundial de Diversidad Genómica Poblacional<sup>165</sup>. Está claro que los científicos del INMEGEN se apoyaron en reconocidos proyectos internacionales con la clara intención de reforzar

la percepción y la expectativa local de que se trataba de un “gran avance” científico en ciernes; ya que objetivamente ningún proyecto puede ser, o parecer, todas esas cosas a la vez. Un tema recurrente de las historias periodísticas emanadas del proyecto poblacional del INMEGEN fue el de la particularidad genómica de los mexicanos, derivados de que son mestizos racialmente entremezclados. Esto se enfatizó de varios modos en las presentaciones iniciales: los científicos del INMEGEN se referían al mexicano como producto de una peculiar historia de mezcla interracial que combinaba un gran número de diversos grupos étnicos amerindios con un tipo de europeos (españoles) y otros grupos no amerindios. Se asumió que la constitución biológica del mestizo mexicano era única, que el mestizo mexicano tenía una estirpe genómicamente peculiar y suficientemente diferente de las de otras regiones. Esto ameritaba —se insistió— un estudio especial y detallado de las secuencias y variantes genómicas presentes en este tipo de gente. La noción corriente en México de que todo mundo es mestizo es así completada con la idea de que, sin duda, hay variantes genómicas muy peculiares contenidas en los límites del Estado nacional, con indudable utilidad médica. Además, en estas variantes está el registro histórico —por conocerse— del proceso de mezclas raciales que forjó nuestro cuerpo mestizo.

La coincidencia de una construcción histórica e ideológica como el mestizo con la existencia de una unicidad genómica mexicana ayudó a reforzar el carácter nacional del objeto de investigación (el genoma del mestizo mexicano) como el de su *exclusividad*. En nuestra opinión, fue debido a este giro nacionalista que el proyecto, que pudo asumir un canon puramente médico, se fue lastrando con una serie de ambiciones históricas y antropológicas así como con algunas pro-

mesas vinculadas al mestizo como símbolo identitario mexicano. Los esfuerzos de encontrar sentido a la genotipificación del INMEGEN, más allá de la construcción de una base de datos útil, sobreimpusieron una agenda política a la puramente médica. Esto no es una característica que sólo tenga este proyecto del INMEGEN, sino que se ha dado de diversas formas en varios lugares. La expectativa que se creó en México, dada la promesa pública de entregar el genoma del mestizo icónico, hizo que los médicos del INMEGEN gravitaran hacia una antropología genómica y la historia poblacional, obligándolos a articular un doble discurso: Uno estrictamente médico y el otro histórico; el primero epidemiológico, el segundo descriptivo de una población racializada. Esta dualidad impregna la historia del Proyecto del mapa genómico mexicano entre 2005 y 2009, y marca de modo definitivo el artículo del “primer borrador” entregado por Jiménez Sánchez en mayo de 2009 al Presidente. La dualidad de la que hablamos se revela más claramente en los boletines de prensa y otros documentos cuidadosamente preparados para su distribución pública en aquella ocasión<sup>166</sup>.

### *El primer reporte del genoma mexicano*

Para satisfacer las expectativas generadas por las campañas publicitarias del INMEGEN y el uso de una vívida y eficaz retórica nacionalista, el primer artículo genuinamente científico publicado sobre el genoma del mexicano por el grupo de Jiménez Sánchez<sup>167</sup> debió incorporar una serie de análisis en torno a la historia del mestizaje mexicano y sus peculiaridades regionales. Fue esta porción de los resultados presentados la que sustentaba la mayoría de los anuncios mediáticos

del INMEGEN en torno a la composición racial del mestizo mexicano. A través de mediciones de composición y distancias genéticas estándar de la genética de poblaciones, y a partir de marcadores ligados a putativas poblaciones originarias y un estandarizado uso de paqueterías bioinformáticas disponibles, se asignaron diferentes proporciones de “ancestría” europea, amerindia y africana a las diferentes muestras regionales que la institución había obtenido. Esos procedimientos arrojaron el dato de que los mestizos mexicanos tienen un promedio de 55.2% de ascendencia genómica amerindia, 41.8% de ascendencia genómica europea y 3.5% de ascendencia genómica africana. Estos porcentajes, como se esperaba, presentan variaciones regionales importantes que reflejan distintas “dinámicas de población” locales. Aunque tienden a coincidir en términos generales, los porcentajes reportados en el artículo de marras varían un tanto de las cuantificaciones previas hechas por los científicos del INMEGEN, utilizando las mismas muestras de mestizos pero con diferentes grupos de contraste. La objetividad de los porcentajes, como nos lo describió en conversación un célebre biomédico, depende un tanto de la convergencia que tengan con los porcentajes “esperados”.

Que un proyecto de investigación en genómica biomédica terminara incorporando un conjunto de preguntas históricas e identitarias es el resultado de una serie de decisiones estratégicas que se pretenden describir y analizar someramente aquí. Las tensiones surgidas entre el uso de la información contenida en el ADN “mestizo” para la investigación relacionada con la salud y su utilización para hacer inferencias históricas en un contexto poblacional particularmente complejo nos abren un espacio para comprender las complejidades actuales de la investigación en genómica pobla-

cional. Por un lado, se aprovecha el creciente poder de las herramientas de secuenciación genómica y bioinformáticas para describir la estructura genómica de las poblaciones humanas y encontrar correlaciones potencialmente causales entre variantes genéticas y cuadros clínicos comunes, y por el otro se aterrizan estos por facilidad o prejuicio bajo una matriz racializada. Es grande la tentación de oscilar entre el interés disciplinar biomédico (y su búsqueda de asociaciones genómicas con patologías comunes) y el interés antropológico e histórico (y sus preguntas ligadas a narrativas identitarias). El riesgo de aumentar en lugar de aminorar la confusión es, sin embargo, alto.

Visitaremos ahora las etapas y los acomodos realizados en el proyecto del genoma del mestizo mexicano desde sus esbozos previos a la fundación del INMEGEN en 2004, hasta el 11 de mayo de 2009, día de la entrega ritual descrita. Nos preguntamos por las condiciones que condujeron a la producción, dentro de un proyecto de genómica médica, de un discurso nacionalista de gran calado que explota el concepto ideológico identitario y racialista arraigado y “a la mano” (o, para usar una expresión inglesa: *ready made*) del mexicano como un ser *esencialmente* mestizo. Concentremos nuestra atención en el hecho de que el proyecto insignia inicial de un flamante instituto de investigación médica con un conjunto de objetivos biomédicos moderadamente bien definidos en el campo de la genómica médica, se haya involucrado en el espacio público con una serie de cuestiones históricas y antropológicas alejadas de la experticia de sus investigadores y que confrontan complejas preguntas sobre la asignación de ascendencia racial y geográfica en una población heterogénea. Usamos en este análisis las presentaciones, declaraciones públicas, entrevistas y publicaciones

científicas relacionadas con el Proyecto del genoma mexicano del INMEGEN entre los años 2000 y 2009. También, hemos considerado sin citarlas (a petición de ellos), varias entrevistas y cartas que nos ofrecieron científicos cercanos a estos desarrollos. Nuestro análisis tiene como objetivo bosquejar y comprender el espacio ideológico y político amplio dentro del cual se desarrolló el proyecto. Quisiéramos entender porqué en México, el despliegue de un concepto disperso “a la mano” de identidad nacional, basado en el mito del mestizaje que homogeneiza al mexicano, todavía puede jugar un papel retórico de gran alcance en la legitimización política y cultural de una empresa científica estratégica como la creación y la financiación del INMEGEN.

### La institución (INMEGEN)

El 19 de julio de 2004, un decreto presidencial fundó el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN). Su propósito es llevar la investigación en genómica médica a un nivel de excelencia en México. La campaña política que resultó en la fundación del INMEGEN se inició en 1999. Involucró tanto a poderosas instituciones como a influyentes individuos de los sectores público y privado. El cabildeo para este logro se inició bajo los auspicios de la Fundación Mexicana para la Salud (FUNSALUD), una institución médica privada con notable poder político que eficientemente combina intereses privados y públicos en torno a temas relacionados con salud, financiada por compañías farmacéuticas y con el apoyo activo de un grupo de médicos influyentes. En 2002, FUNSALUD, encabezada por el prominente médico Guillermo Soberón, logró catalizar la creación del

Consortio Promotor del Instituto de Medicina Genómica con la participación de la Secretaría de Salud, la UNAM y el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Diversos notables médicos, como Juan Ramón de la Fuente y Julio Frenk, fueron entusiastas promotores de las actividades del Consorcio, al igual que varias figuras del sector privado, entre los cuales destaca el magnate farmacéutico Antonio López de Salines. En la etapa de planificación y el cabildeo, un bien conectado y joven pediatra Gerardo Jiménez Sánchez, fue reclutado como líder junto con un reducido grupo de médicos investigadores<sup>168</sup>.

Es importante observar que el INMEGEN fue el primer Instituto Nacional de Salud creado en la nueva era “democrática” después de la derrota de la larga autocracia del PRI en el 2000. Esto significó que también fue el primero para cuya fundación se requirió de la aprobación previa de los órganos legislativos. Tres meses antes del decreto de fundación del INMEGEN éste fue aprobado por el Senado con una votación dividida. Tanto los partidos de izquierda como los de derecha, así como algunos sectores académicos, tenían objeciones a la forma en que el instituto fue concebido. Los esfuerzos de cabildeo de los médicos a cargo tuvieron éxito y la Ley General de Salud fue modificada por ambas Cámaras para permitir la fundación del INMEGEN<sup>169</sup>.

Desde el principio, el proyecto insignia del INMEGEN tenía por objetivo estudiar la variabilidad genómica de la población mexicana. Una vez que se echó a andar el instituto, el proyecto se describió en los medios una y otra vez como el desciframiento del genoma de los mexicanos. La imagen buscada era que finalmente México se unía, a través de estos esfuerzos, a la frontera de la investigación mundial ligada al Proyecto del genoma humano. Ya entrado el año de 2005,

los voceros del INMEGEN aclararon las cosas mencionando que el objetivo era la construcción de un mapa de Haplotipos locales complementario al notorio Proyecto internacional de mapa de Haplotipos (International HapMap Project). Al ser el mexicano portador de un conjunto único de caracteres genéticos (por su peculiar origen en la entremezcla racial) y al no estar “representado” en el proyecto internacional, era importante detectar sus peculiaridades y ubicarlas en el mapa<sup>170</sup>. Se llama haplotipo a segmentos de variantes del ADN que conservan cierta integridad a través de la transmisión hereditaria por muchas generaciones. La investigación biomédica puede usar esos haplotipos para buscar vínculos causales. El descubrimiento de variantes especiales, en el caso mexicano, daría además conocimiento histórico que develaría rastros ocultos de cómo se constituyeron los mestizos por la mezcla racial en los últimos siglos. Al inicio de su gestión como el primer director del INMEGEN, Gerardo Jiménez Sánchez no objetó cuando se describió el “mapa genético común consensado que se ajuste a toda la población mestiza mexicana”, que proponía como un “proyecto genómico basado en la raza”<sup>171</sup>. La idea del mexicano como un mosaico racial no sólo era adecuada, sino ventajosa para los propósitos del INMEGEN.

De ese modo, los médicos del INMEGEN cargaron la percepción pública de sus proyectos de genómica médica en México hacia una serie de preguntas poblacionales, históricas y antropológicas que no sólo no formaban parte de las primeras descripciones del Consorcio<sup>172</sup>, sino que racializaban *a priori* su objeto de estudio, el mestizo. Es posible que entre otras razones, esto no respondiera a una necesidad de construir una imagen pública más atractiva y de crear el sentido de que la investigación por venir realmente incidía en el

interés más hondo de los mexicanos, en preguntas identitarias que iban más allá de la salud. El lenguaje utilizado para este fin se articuló y acomodó poco a poco y se hicieron notorias las dificultades para conciliar la investigación biomédica y sus exigencias (con sus restricciones propias) sobre genómica médica de poblaciones mexicanas con la retórica mestiza, identitaria y racializada claramente desplegada por los voceros del INMEGEN con fines políticos y de imagen pública.

### El mestizo mexicano

A los mexicanos se les enseña a sentirse orgullosos de su condición mestiza. La nación mexicana, nos cuenta la historia nacional oficial, es el producto del choque y la fusión de dos culturas y dos naturalezas diferentes que tuvieron que armonizarse a través de los siglos. La lenta forja de un ser mestizo (con su temperamento y su carácter) consolidó un espíritu nacional durante los tres siglos de dominio colonial español y dos siglos de independencia. Ello resultó en una identidad equilibrada y homogénea. El elemento africano bajo este sistema dual se considera menos importante, aunque a veces se menciona como una innegable “tercera raíz”. La idea del mestizo como solución a la conflictiva situación racial postcolonial de México es conocida como “mestizofilia” y en este país tiene una historia larga y conflictiva<sup>173</sup>. Tras la Independencia de México, los políticos liberales asumieron la forja de una nación nueva, a partir del mestizaje como la mejor manera de sortear la diversidad social y racial potencialmente destructiva. Después de la Revolución Mexicana el mestizaje, como matriz ideológica e identitaria, se reforzó y se usó de base para los esfuerzos de unificación y

la construcción nacional. La imposición de la idea de una homogeneidad cultural y biológica básicas dejaron elementos residuales a las marginadas comunidades indígenas y la minoría blanca de “élites criollas”<sup>174</sup>.

El mestizo se ubica como un elemento aglutinador idealizado, que genera fronteras de exclusión al “resolver” la tensión originaria entre indígenas y españoles. La paradoja siempre fue que, en la ideología mestizófila, los ingredientes valorativos raciales funcionaron ocultando el racismo de cepa europeo que favorecía la tez blanca y reforzaba una jerarquía básica con el mestizo claro en la cima, al oscuro más abajo y en el sótano al indio. Durante casi todo el siglo XX encontramos a la raíz de las reflexiones filosóficas y culturales sobre la esencia de “lo mexicano”, el gran atractor ideológico del ser mestizo. Esta obsesión ha sido objeto últimamente de severas críticas, entre otros frentes desde una perspectiva multicultural derivada de la antropología, los estudios culturales y el activismo político asociados a las demandas indígenas y a las luchas de otras minorías. La homogeneidad mestiza y la identidad nacional únicas han sido convincentemente descritas como ilusiones ideológicas. No obstante, sigue siendo un factor cultural muy básico y común dentro de las políticas de las identidades en México<sup>175</sup>.

La aparición en 2004 en la escena médica y pública mexicana de la andanada retórica del INMEGEN y la promoción intensa de su proyecto insignia para arrancar con ventaja a la medicina genómica, usando la figura del genoma del mestizo mexicano levantó algunas —aunque no suficientes— cejas críticas<sup>176</sup>. El uso automático de una categoría de identidad, recientemente tan cuestionada, como el mestizo y su probable papel distorsionador en la formulación de la genómica de la población mexicana fue inmediatamente señalado. Como las



reacciones no se hicieron demasiado visibles, fueron prácticamente ignoradas por los portavoces del INMEGEN<sup>177</sup>. Cuando después de 2005 los científicos del INMEGEN insistieron en promover y cabildear más su proyecto del genoma mexicano, no fue difícil sospechar que el nombre público del proyecto era una metáfora publicitaria. Casi todo al que entrevistamos en el mundo académico consideró absurdo pensar que hay algo como “un genoma típico” que pueda asociarse a una nacionalidad y menos con una población tan biológicamente dispersa y heterogénea como la mexicana.

En la descripción de algunos, queda claro que el objetivo era estudiar estadísticamente la frecuencia de ciertas diferencias genómicas en el territorio nacional, en especial las frecuencias peculiares de ciertas variaciones genéticas raras con posible interés médico. Ello serviría para nuevos (esperanzados) estudios de asociación entre patologías y elementos genéticos específicos. Sin embargo, durante todas las presentaciones públicas de las actividades del INMEGEN, se hicieron muy pocos esfuerzos para aclarar esto, y más bien con insistencia se reforzaba la impresión en el público de que se buscaba develar un objeto llamado “el genoma mexicano” responsable del hecho de que los mexicanos sean genómicamente especiales o diferentes. De hecho, los titulares de los periódicos nacionales y regionales estuvieron ocupados constantemente en esos años con los mensajes fraguados por los voceros del INMEGEN, en los que se insistía en la peculiaridad del genoma de un determinado tipo de mestizo o indígena o grupo. En contextos académicos, al ser enfrentados directamente con preguntas críticas respecto a la racialización y esencialización de los grupos en su proyecto, los científicos del INMEGEN inmediatamente recurrían a la idea de la gran comunidad genómica de *Homo*

*sapiens*, y el pequeño porcentaje del genoma en el que se encuentran las diferencias relevantes para la medicina y para la diferenciación étnica e individual.

Es probable que la publicación en 2005 de los primeros resultados importantes del Proyecto internacional de mapa de Haplotiposhaplotipos<sup>178</sup> otorgase a este grupo de científicos mexicanos una base alternativa para articular su pretensión previa de tener entre manos un objetivo peculiar de investigación, y facilitó la elaboración de una retórica poblacional más adecuada y cercana a los fines biomédicos de la institución. Dado que el consorcio internacional (para el mapa de Haplotiposhaplotipos) había concentrado su detallado mapeo de los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) en muestras obtenidas de solo cuatro grupos étnicos [Yoruba (Nigeria), Han (China), japoneses y mormones (Utah)], los investigadores del INMEGEN arguyeron que este muestreo no cubría toda la variedad buscada y que había necesidad de complementarlo identificando variaciones de un nucleótido (SNP) peculiares que se encuentran en poblaciones no incluidas en el estudio del consorcio internacional. Entre ellas, las que se hallan en poblaciones racialmente mezcladas de México. Es de resaltar que los coordinadores del Proyecto internacional del mapa de hHaplotipos fueron muy cuidadosos al aclarar que su proyecto no consideraba que sus muestras fueron representativas de grupos raciales o poblaciones geográficas extendidas, y que no estaban haciendo investigaciones a nivel poblacional, ni validando marcadores informativos de ancestría (AIM por sus siglas en inglés). Más bien, insistieron en que sólo estaban construyendo una poderosa herramienta pública para la investigación biomédica comparativa, para la que se trata de describir y situar todos los SNP posibles<sup>179</sup>.

Es claro que la investigación de la medicina genómica de poblaciones puede (algunos pensamos, debe) realizarse sin el uso de categorías raciales o identitarias para clasificar a los sujetos y grupos, y sin que los prejuicios étnicos heredados jueguen un papel importante en la elaboración y en la interpretación de la investigación. Pero no es frecuente, sobre todo en los Estados Unidos, que se acuda a la clasificación racial para organizar la investigación médica. Cuando un grupo de investigadores lo hace, es válido preguntarse por qué y cómo, en algunos contextos, la racialización clasificatoria de la población se convierte en una opción adecuada para los médicos. Recordemos, por otra parte, que ellos no suelen estar capacitados en la genética de poblaciones humanas ni en la antropología histórica de modo que sus nociones de población son esquemáticas.

Durante la primera fase del “Proyecto del genoma (mestizo) mexicano”, se desarrollaron a través de declaraciones públicas y publicaciones parciales, una serie de versiones relativamente diferentes del trabajo en curso. Esta serie revela cómo ciertas condiciones concretas de la investigación científica y, en especial, ciertos planteamientos públicos, son afectados por los valores culturales in situ, y por elementos del imaginario colectivo. La idea “a la mano” (*ready made*) del mestizo mexicano claramente es de ese tipo. En una revista de divulgación científica de 2006, el grupo de científicos del INMEGEN, responsables del proyecto poblacional, presentó una descripción detallada de su proyecto en curso sobre el genoma del mestizo mexicano<sup>180</sup>. La racialización de la población mexicana y el afán de hacer un rastreo de ancestrías que atribuyese a sus muestras porcentajes exactos de ascendencia racial europea, africana y amerindia aparecen en ese artículo con toda claridad. Las claves comunes en esa pieza se amoldan a las ex-

pectativas preconcebidas sobre el carácter “trihíbrido” del mestizo mexicano. Otro trabajo posterior aparecido en la prensa hizo más claro ese sesgo. La condición, no sólo racial sino aún racista de algunos aspectos en la presentación de ese trabajo, no alcanzó para provocar la reacción airada de nadie. Ni siquiera la sorprendente serie de fotografías raciales donde se estereotipaban a los diferentes tipos de mexicanos al modo tipológico del siglo XIX que acompañaron a esta pieza del INMEGEN provocaron repulsión en el espacio público<sup>181</sup>.

Una pregunta que este trabajo sólo mencionará es ¿por qué el espacio público mexicano, al menos en los años iniciales del nuevo milenio, es tan poco proclive a reaccionar críticamente cuando se traslada a él estereotipos raciales denigrantes y peligrosos, como en aquél artículo popular del grupo del INMEGEN del año 2006? ¿Cómo es que, por ejemplo, los editores de la revista aceptaron como naturales las categorías anacrónicas utilizadas?<sup>182</sup>

Ahora bien, es evidente que la localización de variantes genómicas (SNP o de otro tipo) que eventualmente podrían ser útiles para comprender la base genética diferencial de riesgos para la salud de los diferentes sectores del universo de los pacientes en el sistema mexicano de salud pública no requiere que se adopten estrategias de elaboración con base racial. ¿Por qué entonces el INMEGEN decidió hacerlo? ¿Por qué arriesgarse a ser acusados de reavivar el racismo biológico después de décadas de mensajes contrarios procedentes de los sectores antropológicos y médicos? Aunque el panorama médico internacional, y su reciente insistencia en el uso de la raza como un indicador de riesgo genético para ciertas enfermedades<sup>183</sup>, en parte puede responder a la pregunta, nos parece que la racialización de la investigación del INMEGEN sobre el mestizo mexicano, y su historización en

torno a la noción del mestizaje, se entienden mejor como determinada localmente por los posicionamientos estratégicos e ideológicos. Los médicos al presentar y describir su empresa utilizando categorías hondamente arraigadas en la psique colectiva, movilizan los recursos culturales, identitarios de un modo diseñado para cargar las revelaciones de la genómica poblacional de una trascendencia y significación que carecerían de otro modo. Como sucede en el caso de muchos mexicanos educados en la idea de la mitología de la homogeneidad nacional del mestizo, el uso en sus investigaciones de una tipología racializada de los grupos humanos no les parece en absoluto racista a los científicos del INMEGEN. En muchas ocasiones, durante la presentación de su proyecto, declararon paradójica y explícitamente su confianza en que la investigación de la diversidad genómica terminará por contribuir a la eliminación de la idea de la raza y a la desaparición del racismo<sup>184</sup>. No parecían percibir la tensión entre esa aspiración y el despliegue desinhibido de nociones clasificatorias racialistas de hondo arraigo en la imaginación racista europea.

El proyecto del mapa genómico de los mexicanos se justificó por lo rentable que resultaría poseer una base de datos genómicos humanos de producción local, un panel o plataforma de comparación, que abatiría los estudios de asociación genómica ligados a enfermedades relevantes a nivel local. Además de eso, se comprometió a despejar preguntas históricas orientadas a saber lo que realmente constituye, en el nivel molecular, a un mestizo mexicano típico. En nuestra opinión hubo una clara falta de pericia en la caracterización y en la presentación pública de este segundo aspecto.

¿Cómo ceñir en el nivel molecular la confusión ideológica y conceptual que es el mestizo mexicano? El concepto de

mestizo ha producido —como no es de extrañar— un inmenso volumen de literatura filosófica, política, sociológica y antropológica dentro y fuera de México. En los últimos años, como ya se ha dicho, se ha sometido a fuertes críticas como el antifaz bajo el cual las élites mexicanas camuflan el arraigado racismo que impregna la vida mexicana<sup>185</sup>. Al igual que la “democracia racial” brasileña, el mestizaje mexicano proyecta hacia las clases bajas un espejismo igualitario racial que sólo excluye de sus amplias alas a los dos extremos sobrantes de la población de indios y extranjeros, cada uno en su lugar, también extremo, en la jerarquía económica. La noción de mestizo, más que eliminar diferencias, establece las fronteras de la inclusión y exclusión en el cuerpo social mexicano de una manera hondamente excluyente. Estas complicaciones no parecen haber tenido la menor cabida en los grupos de médicos ocupados en la planificación de la investigación del INMEGEN, que todo el tiempo confiaron en la simplista versión de libro de texto del mestizo para enmarcar su proyecto del genoma mestizo<sup>186</sup>. La razón es que tal posicionamiento permitía una retórica dual que pretendía, por un lado, oponerse a la exclusión de la población mexicana de los proyectos genómicos internacionales y afirmar, por otro, que dichos avances implicaban una conquista para la soberanía biomédica nacional<sup>187</sup>.

Estrategias discursivas nacionalistas junto con una serie de promesas muy fuertes relacionadas con la salud, fueron desplegadas para preparar el camino hacia la aceptación de los proyectos del INMEGEN por los representantes del Congreso y por el público. Para tal efecto, se acuñó una noción inteligentemente diseñada: una que hacía hincapié en la necesidad de un control nacional sobre los recursos derivados de la diversidad genómica local. La idea cristalizó en la sor-

prendente noción de una “soberanía genómica” nacional<sup>188</sup>. Resultaba claro que un sector importante de la vieja clase política nacionalista del PRI reaccionaría positivamente, casi por instinto, a esta idea. Como lo haría también un alto porcentaje de la población mexicana que comparte esas inclinaciones nacionalistas. Para algunas audiencias, la idea de “soberanía genómica” se complementó con la denuncia de que cualquier investigación genómica internacional que tome muestras biológicas de los individuos (sobre todo de los indígenas) de una nación sin autorización y regulación del Estado sea considerada una intromisión ilegal, una “investigación safari” neo-colonialista,<sup>189</sup> de esta forma se presionó para que se legislara en esa dirección.

Produce, sin embargo, cierto pasmo el traslado de conceptos emanados de la tradicional patrimonialización de objetos (arqueológicos, por ejemplo) o de recursos naturales geológicos a variantes moleculares que se reparten y dispersan por toda la orbe sin sentir las fronteras políticas de cuya unicidad y propiedad hay dudas razonables. Es curioso, así mismo, que el discurso nacionalista (estatista) del primer período del INMEGEN se modulara notablemente con el cambio de audiencias.

El INMEGEN fue, desde el principio, creado bajo el auspicio de intereses de inversionistas privados. La idea de sus promotores fue desde el inicio atraer recursos adicionales para la investigación de empresas privadas, principalmente farmacéuticas y promover la comercialización de los resultados asociados a ellas. Entre los aspectos enfatizados desde el inicio en su imagen pública, es notable la oferta de “oportunidades de negocio” para empresarios e inversionistas<sup>190</sup>. Gerardo Jiménez Sánchez insistió en reuniones con la iniciativa privada que hubiera confianza de las empresas para apo-

yar presentes y futuras inversiones en el INMEGEN, pues se obtendrían ganancias. La oferta mencionaba estudios de factibilidad para la futura comercialización a gran escala de fármacos “hechos a la medida de requerimientos particulares” del pueblo mexicano. Es claro que los clientes ideológicos de esta segunda presentación son muy diferentes a los nacionalistas de la primera. Hay cierta alquimia interesante en hacerlas parte del mismo proyecto. Con esta segunda aproximación se tejerían alianzas con los sectores liberales y conservadores de la derecha mexicana<sup>191</sup> y con la primera, con los sectores progresistas y nacionalistas.

Entre 2005 y 2009 ninguno de los resultados científicos publicados en revistas especializadas por científicos del INMEGEN estuvo directamente relacionado con su proyecto insignia tan publicitado. En varios momentos, en ese lapso, se hicieron anuncios de los avances logrados en el proyecto del genoma mexicano y se avisó que un importante *paper* estaba casi terminado y por aparecer en un sitio de prestigio. Hubo, sin embargo, retrasos, y no fue sino hasta el 11 de mayo de 2009 que tanta expectativa creada obtuvo una materialización. Por conversaciones con algunos participantes sabemos que los retrasos fueron una consecuencia de los problemas que el grupo de científicos a cargo tuvieron para ajustar sus agendas de investigación médicas con sus análisis poblacionales en los que se ocuparían de ancestría y mestizaje. Los árbitros de las revistas no estaban del todo persuadidos. Un problema es que los científicos involucrados resultaron tener poca experiencia en genética poblacional, demografía histórica y en antropología genética y debieron trabajar arduamente para ponerse a la altura de sus intenciones. Es claro que el resultado publicado<sup>192</sup> es producto de un gran esfuerzo en el que se consiguió equilibrar

la tensión entre la agenda de la genómica médica con aquella más histórica, racializada y poblacional derivada de los aspectos prometidos ligados al retrato molecular del mestizo. Esto tuvo su costo.

### Para ceñir una nación mezclada

Tres afirmaciones empíricas estuvieron en el centro de la justificación retórica para la fundación del INMEGEN y el arranque de su proyecto insignia para su primera época (2004-2009): la que sostiene que los mexicanos son biológicamente (es decir, *genómicamente*) únicos. Se insistió que bastaba con una somera mirada a la historia demográfica de su población para aceptar como un hecho tal unicidad peculiar, especial y exclusiva que se encarnaría en un conjunto de variantes genómicas (SNP's) características de los mexicanos, a partir de la cual, la noción popular del genoma mexicano adquiriría su sentido. La segunda creencia es que, tal peculiaridad genómica deriva de una especial historia de mezcla genética racial (o de ancestrías geográficas) de orígenes europeos, amerindios y (en menor escala) africanos que se amalgaman en la composición de los cuerpos mexicanos, de modo que cada elemento puede vincularse unívocamente a uno de los tres orígenes. La tercera creencia es que, dicha peculiaridad genómica en estos lares debió surgir fundamentalmente de los amerindios; es decir, de lo geográficamente local, de los cuerpos engendrados en esta tierra. Los tres asertos quedaron felizmente “confirmados” en el trabajo de Silva Zolezzi, que dio carta de existencia al genoma mexicano.

Este conjunto de supuestos juegan un doble papel en la interpretación de la investigación genómica de poblaciones

del INMEGEN. Proporcionan, por un lado, criterios para establecer los parámetros básicos (por ejemplo, el número de grupos originales) de los análisis con los que proceden los programas bioinformáticos que categorizan la diversidad genética, y dan una estructuración o agrupamiento (*clustering*) de los grupos en los que los individuos se ubican según sus componentes (un programa muy utilizado es *Structure*<sup>193</sup>). De este modo se obtienen las subpoblaciones anticipadas según la mezcla racial prevista. Dicha estructuración se interpreta naturalmente como efecto de mezclas distintas de fracciones ancestrales y se robustece el “sentido común” o la comprensión *ready-made* del mestizo.

Como dijimos, tanto ante los medios masivos de comunicación, como en foros especializados, la abierta racialización de la investigación del INMEGEN a través de fijar su objetivo en el mestizo fue evidente aunque incuestionada. Un ejemplo es la nota aparecida en *El Universal* del 9 de marzo de 2007. En ella se anuncia la conclusión del período de dos años en la elaboración del mapa del genoma mestizo mexicano. El título de la nota es revelador: “Genes mexicanos, mezcla de 35 razas”, y más lo es el subtítulo: “Somos distintos a africanos, asiáticos y europeos”<sup>194</sup>. Varios elementos de esa pieza merecen atención. Además de insistir en dar un número redondo de “35” como cantidad original de las “razas” amerindias, la nota del diario registra la información adicional, atribuida directamente a Gerardo Jiménez Sánchez de que “el 65% del componente de los mexicanos es único y se le ha denominado “amerindio”. Entre las “conclusiones” que se dejan circular a partir de estos resultados, se puede afirmar que la cura de un paciente mexicano “debe ser atendida, en la mayor parte los casos, por medicamentos elaborados de manera especial y no por drogas im-

portadas que fueron fabricadas para atender los genomas de otros pueblos”<sup>195</sup>. Tal insistencia en la singularidad de la mezcla racial mexicana refuerza la visión de que en esta región hay un espacio médico único, aislado y autónomo que se debe gestionar con ciencia médica propia.

La “singularidad” genómica mexicana se afianzaba con estas intervenciones públicas del INMEGEN; la singularidad histórica y física de los mestizos adquiriría facticidad en lo que se descubrió en las moléculas. La autonomía de nuestra genética y la singularidad de nuestra amalgama (la “raza cósmica”) se materializaba en estos hechos moleculares. Lo vislumbrado en los genes se vertía al público en periódicos y se colimaba o se hacía coincidir con aquello que “todos sabemos”; México es mestizo y único. Jiménez Sánchez, en muchas declaraciones públicas usó y hasta caricaturizó esta noción común (*ready-made*), forjada en el siglo XX por el nacionalismo revolucionario que, como escribió Claudio Lomnitz, propuso “al mestizo como protagonista de la historia nacional y al Estado guardián del territorio nacional”. Se trataba ahora de incluir a nuestros especiales genes en ese territorio soberano<sup>196</sup>. “Los mexicanos modernos —escribió Jiménez Sánchez en la revista *Science* en 2003— son el resultado de la mezcla de más de 65 grupos de indígenas con españoles”. Con esa sola premisa se afirma que los mexicanos modernos deben poseer “una constitución genética única y un conjunto característico de susceptibilidades a enfermedades”<sup>197</sup> debido a las condiciones tan especiales de la mezcla biológica generada por la conquista. Tal esquema calcado acríticamente de contextos demográficos en los que imperan criterios lingüísticos, resulta impreciso e injustificado. Al parecer, a los investigadores del INMEGEN les llevó muchos meses de reflexión sobre sus datos el adquirir una conciencia más clara de que existe, en esta re-

gión, una compleja historia de población y migraciones desde antes de la llegada de los europeos y los africanos al continente y que, después de, eso ha habido una dinámica poblacional compleja, de siglos, que no sólo incorpora a los diferentes grupos amerindios, sino también a los muy diferentes grupos europeos y africanos, además de que cualquier hipótesis de genómica poblacional tendría que empezar por conocer la historia y no por asumir versiones de libro de texto escolar.

Por otro lado, la dinámica con la que se motiva en la historia de nuestra especie las variantes genéticas en y entre los continentes, tienden a producir distribuciones complejas que rara vez se capturan en parámetros a simple vista y observaciones puntuales restringidas a muestras geográficas limitadas. Se debe, más bien, proceder con cautela.

Muchas iniciativas contemporáneas de genómica médica en el mundo parten de la creación de paneles informativos de variantes genómicas distribuidas en diferentes regiones con el objetivo de apoyar la búsqueda de correlaciones con elementos causales candidatos a explicar fenotipos clínicos. En muchos de esos paneles se han asumido clasificaciones de las muestras vinculadas al origen geográfico. En el Proyecto internacional de mapa de Haplotipos haplotipos (HapMap) se usaron, como ya explicamos, muestras asociadas a grupos distantes sin intención de darles una dimensión continental (africana, europea o asiática). Aunque hay diferencias, por lo general los marcos clasificatorios que acompañan a las iniciativas de genómica médica poblacional no asumen fuertes discontinuidades raciales o ancestrales entre las poblaciones, como lo hizo —al menos en su retórica— el proyecto insignia del INMEGEN<sup>198</sup>. En todo caso son los proyectos de genómica demográfica e histórica los que insisten en ligar marcadores genéticos especiales a grupos

particulares para afianzar sus inferencias. Los supuestos raciales iniciales del INMEGEN más que explorar, asumen ciertas claras divisiones ancestrales que, al ser sustentadas por los datos moleculares, hacen del mexicano un mosaico racial especial. En un individuo mexicano —según la imagen proyectada— todo elemento genómico tiene que ser europeo o amerindio o africano, y la sumatoria de estos tres conjuntos da el 100%. La precisión aparente de esa información sobre el mestizaje es producto de un diseño de los paquetes bioinformáticos usados, como de la falta de toda matización o modulación de la información incorporada a ellos del HapMap como raciales y ancestrales. La adopción de los marcadores derivados en el proyecto mexicano de Haplotipos del mestizo del INMEGEN induce necesariamente a una interpretación racial e histórica. El automatismo de la noción de mestizo insertada en los procedimientos bioinformáticos aplicados sobre la variación genómica encontrada en México produce una ilusión de obviedad. Por si faltaran elementos para suspender el juicio sobre su trabajo poblacional, los científicos del INMEGEN lo tornaron todo más difícil debido a las decisiones tomadas para el muestreo adoptadas durante la fase inicial del proyecto.

### *Cómo (no) muestrear a la nación mestiza*

La investigación empírica en genética (o genómica) de poblaciones necesita coleccionar muestras adecuadas para apuntalar las inferencias teóricas y aportarles objetividad. Es necesario, entre otras cosas, definir bien los confines y el tamaño de la población y establecer con claridad los criterios empíricos y probabilísticos para apoyar las inferencias

inductivas a partir de las muestras singulares. Las muestras deben tener un cierto nivel de representatividad, objetivamente cimentado, que debe garantizarse con la estrategia de muestreo. Estos requisitos son ya de suyo problemáticos y restrictivos para la investigación con la mayoría de las especies biológicas, pero son particularmente difíciles cuando el muestro involucra seres humanos. Muy pocos grupos humanos caen bajo las situaciones típicas, ecológicas y geográficas que encontramos en otras especies y que son idóneas para los modelos de la genética poblacional. Las decisiones sobre los procedimientos de muestreo a adoptar para obtener un adecuado soporte inductivo no deben ser tomadas con ligereza. Cuando se trata de una inferencia histórica, como son las metodologías para inferir la ancestría y los vínculos genealógicos a largo plazo a partir de detalles moleculares, el asunto se vuelve teóricamente más delicado<sup>199</sup>.

No hay duda de que las actividades más notoriamente publicitarias del INMEGEN durante su primera época fueron las campañas nacionales de toma de muestras de sangre para su “proyecto del genoma mexicano”. Estos esfuerzos geográficamente distribuidos por la República Mexicana fueron llamados “jornadas de recolección”. Se publicitaron muy ampliamente tanto a nivel nacional como local a través de periódicos, radio y otros medios. Estas campañas usaron la división política estatal de México como su red de pesca y se centraron en la población estudiantil de los campus universitarios de las capitales de los estados. La decisión fue práctica, pues en esos espacios consiguieron de modo expedito una gran cantidad de individuos de ambos sexos capaces de aceptar donar con consentimiento informado muestras de sangre para su análisis genético. Los estudiantes universitarios de cada región, se asumió, serían en todo casi típicos mestizos

del lugar. En ningún documento accesible y público antes, durante y después de la campaña se reveló el razonamiento metodológico detrás de los criterios utilizados para la selección de los “sitios de recolección”. El INMEGEN organizó estas jornadas de recolección en las capitales de ciertos estados y no en otros. Para caer en su categoría de mestizo, la principal condición que se les pidió a los donantes fue que sus padres y sus cuatro abuelos hubieran nacido en la localidad. Es decir, que no hubiera migrantes recientes entre sus ancestros inmediatos. Este criterio operacional de mestizo, tomado de los usos de la antropología institucional mexicana, contradice la afirmación *post-factum* de los científicos del INMEGEN de que todos los donantes se “auto-definieron” como mestizos<sup>200</sup>. Las ciudades capitales que eligió el INMEGEN para la recolección de muestras de un total de 1200 estudiantes universitarios<sup>201</sup>, fueron inicialmente las de seis estados del país: Guanajuato, Guerrero, Sonora, Veracruz, Yucatán y Zacatecas. En una segunda fase se muestreó en los estados de Oaxaca, Tamaulipas, Durango y Campeche. Después de la recolección las muestras se anonimizaron, conservando el registro del lugar y se agregaron a un banco. Con estas muestras se inició después la actividad de secuenciación automatizada a gran escala en los laboratorios de alta tecnología del INMEGEN. Vale la pena notar que en la primera etapa del proyecto en cuestión se decidió no tomar muestras de poblaciones indígenas, entre otras razones —se dijo— para evitar potenciales conflictos políticos y, también, porque se creía que las particularidades genómicas del componente amerindio de la población mestiza podía deducirse por la sustracción a partir de los otros componentes de la mezcla usando como grupo de contraste muestras asiáticas. Previsión que resultó inexacta y que provocó más retrasos.

En esa primera etapa del proyecto del genoma mestizo se afirmó que el mapa local de haplotipos complementario al internacional podría, entre otras cosas, ayudar a evaluar el grado de divergencia entre “mestizos” de diferentes regiones del país, es decir sus diferentes combinaciones de elementos originales. En varias declaraciones públicas de voceros del INMEGEN se insistió en que el conocimiento de los componentes genómicos particulares mexicanos ayudaría a los estudios médicos de asociación que vinculan haplotipos peculiares con propensión a enfermedades u otro tipo de idiosincrasias médicas. La hipótesis de que existe una diversidad regional en las frecuencias genómicas contenida dentro de un espacio mestizo de semejanzas genómicas se combina así con la idea de epidemiologías diferenciadas en cada región del país, según sus elementos genéticos preponderantes.

Sustentar esas hipótesis poblacionales requiere una base empírica sólida a partir del muestreo. La representatividad de las del proyecto insignia del INMEGEN no parecieron adecuadas a varios. Entre científicos y otros críticos surgió la duda de la utilidad poblacional del modo de muestreo. Se cuestionaba, por ejemplo, el concepto de población que se encontraba a la base del planteo inferencial del INMEGEN y qué tipo de inferencias podían ser realmente sustentadas por éste. ¿Se había pensado en la población en términos demográficos, de genómica poblacional, epidemiológicos? Resultaba crucial conocer la representatividad estadística o poblacional que tenían las muestras respecto al resto de la población —si algunas—. ¿Cuáles eran las bases históricas y demográficas para reivindicar la existencia de tan extrema “singularidad” y, en particular, para anticipar con tanto ahínco una estructura genómica típicamente mexicana? Las fronteras y divisiones políticas tanto nacionales como esta-



tales no parecían un buen punto de partida para una población biológica o genéticamente delimitada.

No fue sino hasta la publicación del primer artículo poblacional del INMEGEN en mayo de 2009 que el procedimiento de muestreo fue discutido con detalle por los científicos a cargo del proyecto. Escribieron que “a pesar de que los participantes en nuestro estudio provenían de regiones que corresponden a las divisiones políticas modernas, ellos representan las diferentes dinámicas demográficas, los diferentes patrones de asentamientos humanos y la diferente densidad de población amerindia”. Está claro que la situación geográfica dispersa de los estados seleccionados puede ser un buen principio, pero para que cada sitio tuviese representatividad clara se requeriría, además del nombre y la ubicación geográfica, conocimiento previo de cómo cada uno históricamente se constituye como un polo demográfico y por qué adquiere representatividad regional, así como dónde están los límites de ésta. No es obvio, ni se puede responder diciendo que en la capital de un estado regional convergen grupos representativos. La existencia de gradaciones o clinas en los cambios de frecuencias de variantes genéticas poblacionales a lo largo de toda la geografía mexicana, recorriendo las regiones en todas direcciones, de un estado a otro y mucho más allá de todas las fronteras políticas, además de teóricamente esperable, ha sido ya reconocida por los genetistas de poblaciones humanas<sup>202</sup>. Muchos estudios de genética humana en México han preferido categorías regionalizadas y étnicas, han dividido a las posibles poblaciones considerando las estructuras tradicionales de tipo regional y étnica y han evitado las fronteras políticas.

Otro elemento a tomar en cuenta respecto a la representatividad del muestreo del INMEGEN se vincula a lo que en el

artículo en cuestión se describe como el sesgo debido a la estratificación socio-económica de los participantes; según los autores, dado que la donación fue realizada en las universidades estatales en donde los estudiantes provienen por igual de zonas urbanas como de zonas rurales y pertenecen a una amplia gama de estratos socioeconómicos, entonces el sesgo no existe. Esto nos parece muy optimista. Si bien es cierto que la educación pública en México es uno de los espacios más abiertos para la movilidad social ascendente, no es menos cierto que poderosas fuerzas socioeconómicas actúan contra el acceso a la educación de los campesinos y de la clase trabajadora, especialmente en los niveles universitarios más altos. El procedimiento empleado en realidad no contrarresta la distorsión por estructura socioeconómica y quizá lo ahonde. Y, por supuesto, si el objetivo de la muestra hubiera sido originariamente representar lo más adecuadamente posible toda la gama de la estructura social de los pobladores, el muestreo se habría diseñado cuidadosamente para ello. El tipo de ciudades elegidas para las “jornadas de recolección” del INMEGEN hace pensar que un elemento de peso en la elección fue política; la idea de maximizar el impacto político debió tener cierta influencia. Los vínculos partidistas y la buena voluntad política de los gobernadores y otros funcionarios de los estados que debieron dar su apoyo para el proyecto, sus recursos para darlo a conocer y el respaldo con sus nombres e influencia, seguramente pesaron a la hora de preferir algunos lugares sobre los demás. Aunado a ello influyó el acuerdo de las autoridades locales para poner sus recursos a disposición de los funcionarios del INMEGEN. En la retórica empleada para ello, influyó el orgullo local que conlleva unirse a una cruzada nacional y contribuir a situar el terruño en el mapa de la genómica nacional y mundial. Donar sangre para el pro-

yecto del INMEGEN era un modo de asegurar que la contribución local fuera una parte del genoma mexicano<sup>203</sup>.

Ya se mencionó la otra ventaja, el nivel de preparación de los estudiantes facilitó la aplicación de un protocolo sencillo de consentimiento informado. Así, desde las declaraciones iniciales hasta la gran publicidad nacional para esta amplia campaña de recolección de muestras, los voceros del INMEGEN adoptaron una retórica de acompañamiento vinculada a la idea de conseguir revelar el genoma de la nación. Los estados que contribuían a ello podían aparecer como elementos torales del cuerpo biológico colectivo.

Con la aparición en el artículo inaugural del genoma mexicano de los diversos mapas de México con las siluetas destacadas de los estados participantes, se cumple con la promesa ofrecida en las campañas de recolección y el compromiso político asumido de poner en el mapa a los cooperantes. Los códigos usados para las muestras están ligados a las entidades políticas; no llevan nombres regionales como norte o poniente, sino: ZAC, SON, GRO, YUC, GTO, VER.

Desde 2007 los anticipos de resultados del proyecto insignia del INMEGEN sugerían que se habían encontrado los singulares datos que se buscaban. Se notaba la necesidad de cumplir con lo ofrecido. Para el lector avezado, era claro que una profecía autocumplida estaba en ciernes.

En 2008, Jiménez Sánchez y colaboradores afirmaban: “nuestros resultados indican que, aunque existen algunas diferencias genéticas regionales entre sub-poblaciones mexicanas, éstas son suficientemente similares para ser analizadas como un solo grupo. Sin embargo, los resultados de este estudio arrojaron la evidencia de una estructura de población entre los mexicanos que deben ser considerados para el diseño de estudios genómicos analíticos y de asociación”<sup>204</sup>.

Se concluye así que hay diversidad genómica regional pero dentro de una singularidad genómica nacional. De nuevo se insiste en que los nacionales mexicanos son genéticamente únicos, pero ¿por qué enmarcar así la investigación médica respecto a las variantes genómicas en los límites de una población política y no en límites regionales y geográficos más naturales? ¿Qué debemos hacer, por ejemplo, con la obvia identidad poblacional de los mexicanos del norte con los mexicano-estadounidenses del otro lado de la frontera? Y ¿qué con la gran similitud de mexicanos con las poblaciones de otros países latinoamericanos? ¿Son las fronteras nacionales y regionales realmente tan significativas?<sup>205</sup>

### *Alícuotas raciales, ancestría e identidad*

Después de 2006, el INMEGEN realizó una serie de presentaciones públicas de los resultados preliminares del análisis de las muestras genotipificadas: su retrato del genoma mestizo mexicano comenzó a perfilarse en esos espacios.

Si vemos los primeros resultados de los análisis que hizo el INMEGEN de frecuencias de distintas variantes (SNP) en las poblaciones mexicanas muestreadas, encontramos que se insiste en las participaciones regionalizadas discretas de la diversidad genómica de los mestizos. Es notable también que los criterios demográficos o históricos para enmarcar esta fragmentación fueran cambiando. De pronto, ya no se insistió en la aportación de diversidad de 65 grupos indígenas diferentes, criterio que, como vimos, derivó de los lingüistas. Los científicos del INMEGEN ahora intentaron atribuir la “novedad genómica” de la patria al aporte amerindio en bloque y sorprendió que Jiménez Sánchez y sus colabora-

dores se refirieran a una nueva entidad, al parecer inferida bioinformáticamente, que llamaron “genoma amerindio”. Todo lo que no estaba en las muestras del HapMap y sí en las del INMEGEN debía ser original. Se insistió con esto en la presencia de fuertes cantidades de componentes peculiares en la mezcla mexicana. El hecho de que este “genoma amerindio” fuese de construcción indirecta, inferida y abstracta no se detalló. En resumidas cuentas: para respaldar afirmaciones previas sobre la “peculiar estructura genómica mexicana mestiza” los médicos del INMEGEN usaron la categoría antropológica abarcadora de *amerindio* y le atribuyeron un genoma. Se trata de un genoma ancestral especulativo producto de destacar las variantes genómicas singulares (SNP) que empezaron a localizar en sus muestras de mestizos (y que no estaban en el HapMap internacional). El hecho de que se encontrasen en un mexicano por primera vez, y ningún otro criterio, fue suficiente para afirmar su singularidad. Una vez más, lo que se estaba buscando apareció: los mestizos mexicanos tenían características genómicas únicas y éstas venían de sus ancestros indios americanos.

Habría en esa ocasión que haber seguido el consejo del experimentado genetista y médico Rubén Lisker en relación a la tendencia de que las variantes genéticas que se encuentran por primera vez en un sitio y se “bautizan” con el topónimo, tienden siempre a aparecer en muchos otros sitios con sólo buscar un poco. La avidez por las primeras planas parecía estar teniendo su efecto en la precipitación de los anuncios del INMEGEN.

En nuestra época, la atribución de vínculos de ancestría a partir de variantes genómicas se ha constituido en una práctica cada vez más común. La inferencia que atribuye a la posesión de ciertos marcadores parentescos remotos con po-

blaciones antiguas racializadas se ha vuelto rutinaria en los E. U. y en otros sitios. Esta técnica tiene, sin embargo, diversos problemas de fragilidad inferencial que se han señalado repetidamente. Se cuestiona la agrupación de individuos mediante técnicas de bioinformática a partir de variaciones genómicas. La asignación asertiva de ancestría o pertenencia racial es promovida por empresas creadas o respaldadas por científicos negociantes. El negocio de la llamada genómica recreativa es lucrativo pero éticamente dudoso. Su proliferación se ha fomentado por la creación y distribución de software que induce particiones racialistas en la estructura genómica de las poblaciones<sup>206</sup>. La retórica de la unicidad genómica en el mestizaje mexicano del INMEGEN entró en resonancia en el espacio público con esos relatos de ancestrías genéticas simplistas que difunden aquellas empresas. La agrupación en racimos o cúmulos raciales de los seres humanos, así como su ordenamiento geográfico y la atribución de ancestría dependen de complejos procesos probabilísticos que no son unívocos ni incontestables. Se trata de decisiones teóricas subdeterminadas por los datos que permitirían soluciones diversas de asignación “racial” o ancestral con el mismo grupo de datos si se cambian los parámetros. De ahí que en este terreno se debería proceder con mayor cautela y evitar afirmaciones tajantes.

Pero la mercadotecnia a veces juega contra la prudencia, y ese tipo de excesos caracterizó las prácticas tempranas del INMEGEN. Por ejemplo, en 2007 hubo una presentación de avances de la investigación poblacional por parte de Jesús Estrada Gil, bajo el título “Evaluación de la contribución ancestral en las poblaciones mestizas mexicanas y sus efectos en la preservación del desequilibrio de ligamento”. En ese reporte se señaló que se había realizado una estimación de

las contribuciones ancestrales “europea, africana y asiática” a las poblaciones “mestizas” utilizando 105 variantes (SNP) sobre un número pequeño de entre las muestras del INMEGEN de Sonora, Yucatán, Guerrero, Zacatecas, Veracruz y Guanajuato<sup>207</sup>. Para vincular sus muestras a poblaciones ancestrales con ubicaciones continentales y demarcaciones raciales se usaron por primera vez los registros del proyecto internacional de mapa de haplotipos (HapMap).

Las variantes locales en las muestras del INMEGEN para las poblaciones mexicanas se contrastaron con aquéllas para inferir porcentajes de empate con ellas, que se interpretaron como relaciones de ancestría continental y/o racial<sup>208</sup>. Este análisis fue descrito como un modelo de mestizaje (o mezcla) utilizando información *a priori*, es decir asumiendo que las poblaciones muestreadas por el proyecto HapMap representan adecuadamente los componentes ancestrales europeos, africanos y asiáticos de los genomas de los mexicanos. En el trabajo, los porcentajes del mestizo mexicano fueron reportados como sigue: europeo 58.96%; asiático 31.05%; africano 10.03%. Los resultados también se fraccionaron para dar matices diferentes para cada zona geográfica del país. Predeciblemente en los mexicanos del estado norteño de Sonora, los elementos europeos ascendían a 70.63% del total, mientras que “el componente africano” bajó a los 7.8%. Por otro lado, en los mestizos de Veracruz se encontró la mayor contribución africana con un 11.13% del total. Vale la pena mencionar que hasta este momento, el INMEGEN no había genotipado muestras de algún grupo amerindio para usar también como información de contraste (otro putativo grupo racial ancestral) con el cual inferir los porcentajes de la ascendencia amerindia de los mestizos. Se creyó en esa etapa que usando sólo mues-

tras del HapMap, como información ancestral, incluyendo los elementos asiáticos, como la tercera matriz originaria, sería posible resolver las porciones de ancestría del mestizo mexicano. Las alícuotas ancestrales promedio de un mestizo mexicano que en 2007, además de en el reporte citado, se publicitaron de varios modos por el INMEGEN finalmente nunca se publicaron oficialmente con la sanción de una revista arbitrada. Lo que ocurrió es que, al cabo del tiempo, éstos fueron cambiados en los anuncios del INMEGEN. Además de usar nuevas muestras de su acervo, los científicos debieron incorporar como nuevo grupo de contraste a una muestra indígena, o amerindia, de la que se obtuvo una tercera fuente de marcadores informativos de ancestría que sirvieron para afinar sus resultados. La muestra genotipificada para el caso del INMEGEN fue de indios zapotecas, codificados como ZAP.

Después de 2007 los científicos del INMEGEN, al parecer debido a procesos de arbitraje conflictivos, se hicieron más conscientes de las complejidades y de los bemoles de interpretar adecuadamente en el marco de la genética de poblaciones su universo de muestras mestizas. Entre otros problemas, se percataron de que la estructura genómica de las poblaciones mestizas mexicanas podrían favorecer la generación de resultados falsos positivos.

A juzgar por el tiempo que se tomaron en publicar —después de anunciarlo varias veces— y por los ajustes llevados a cabo en los análisis, los científicos del INMEGEN tuvieron que revisar a fondo su genómica de poblaciones para conseguir que el trabajo fuese aceptado en una revista científica arbitrada. En el artículo que finalmente apareció (Silva Zolezzi et al 2009), son notables varios ajustes importantes en la presentación y análisis de la genómica nacional. En principio descri-

ben claramente los posibles beneficios de tener un buen panel de haplotipos locales para abaratar futuras investigaciones biomédicas, y se distingue esa meta de la genómica poblacional de mestizos enfocada a medir ancestría y mezcla racial. La construcción de una base de datos de haplotipos comunes complementaría a la del mapa internacional, y que hasta entonces fuese la más completa entre varias otras plataformas de datos genómicos de poblaciones hispanoamericanas, era un objetivo más realista y menos nacionalista.

La parte poblacional del artículo fue resultado de una serie de análisis bioinformáticos en los que se calcularon las distancias genéticas entre los grupos de mestizos de cada región respecto de las muestras del HapMap, y también entre sí. Se midió también la heterocigocidad de cada grupo y el agrupamiento (*clustering*) de los individuos de las muestras respecto a tres polos predeterminados, uno por cada putativo grupo ancestral. Los cálculos se basaron en la similitud estadística general entre haplotipos de las muestras y los del HapMap. La novedad ahora fue el uso de una muestra de 30 indios zapotecas. La incorporación de tal muestra de amerindios sirvió para completar los grupos de contraste ancestrales en el supuesto *a priori* trihíbrido (tres orígenes, tres raíces). Esto ayudó a definir el polo de elementos genómicos ancestrales amerindios. De ese modo se eludió el previamente descrito genoma amerindio inferido indirectamente y su estela de incertidumbre. Las medidas de heterocigocidad en las sub-poblaciones regionales, las distancias genéticas poblacionales (*Fst*) entre ellas, y sus proporciones de ancestría genética continental (racial) utilizando muestras del HapMap como variantes de Europa y África, configuraron un previsible esbozo genómico del mexicano en el que la estructura de la población mexicana mestiza “se debe principalmente a diferencias en contribuciones EUR

(es decir, europea) y AMI (es decir, amerindia)”, pero en ella otras fuentes de diversidad genética, tales como AFR (es decir, africana) o AMI (es decir, grupos amerindios diferentes del zapoteca) también participan.

Además de convergentes con diversos estimados de ancestría genética previos, los resultados presentados por el INMEGEN en 2009 estaban sobredeterminados por los supuestos incorporados a la metodología. Producto de asumir sólo tres polos de ancestría (con supuestos raciales) alejados geográficamente y usar muestras mestizas urbanas caprichosas. Las distancias estadísticas y estructuras poblacionales encontradas no constituyen un mapa objetivo del mestizo mexicano a nivel genómico (si es que algo así pudiera existir). Se trata de medidas estadísticas aproximadas, contingentes, modificables e interpretadas con cierta arbitrariedad o como indicadores de ancestría raciales predefinidos. Entre las respuestas que parecían prefiguradas desde el principio de la campaña publicitaria inicial del INMEGEN está la sección del artículo de 2009 dedicada a lo que los científicos del INMEGEN describen como “alelos privados”. En ella se describen 89 alelos privados comunes que estaban ausentes en las poblaciones del HapMap y que estaban presentes en al menos una subpoblación mestizo-mexicana, y 86 alelos privados en los amerindios mexicanos. La singularidad mexicana que había sido adelantada desde el principio por Jiménez Sánchez y sus voceros y que se intentó definir de varios modos, aterrizó en esto. Para mencionar de nuevo la caución de Rubén Lisker, el hecho de que una variante se detecte por primera vez aquí no la hace “mexicana” ni “mestiza” ni “amerindia”, pues lo probable es que exista en otros sitios. Como los mismos científicos del INMEGEN reconocen, comparar esos “alelos privados” con los del Ha-

pMap muestra que, en realidad, los amerindios tienen mucho menos singularidad que otros grupos. Lo cual es comprensible partiendo de la historia migratoria de la población amerindia; al ser población continental más joven y el producto de varios cuellos de botella sucesivos y varios “efectos fundador”, la diversidad genética ha sido filtrada y aminorada en varias ocasiones.

### *Conclusiones: retórica, ancestría y soberanía genómica*

Los promotores del INMEGEN buscaron un apoyo en los sentimientos nacionalistas cuando describieron el proyecto insignia de su primera etapa (2005-2009) como buscando encontrar el genoma nacional (“nuestro genoma mexicano”) y definirlo como un patrimonio a defender. Al mismo tiempo, se alinearon a las promesas que entonces se hacían en todos lados que sostenían que la genómica médica traería enormes ahorros en el futuro en gastos de salud pública a través de tratamientos especialmente efectivos para la prevención y cura de las enfermedades crónicas y complejas como la diabetes, la obesidad, el cáncer, la hipertensión y similares. También se ofreció una farmacogenómica personalizada, o al menos regionalizada y racializada. Las declaraciones en este sentido por los promotores del INMEGEN fueron muy publicitadas y jugaron un papel importante en la aceptación pública y en el éxito del cabildeo institucional y político que catalizó la fundación de la institución. Sin duda, la adopción por los promotores del INMEGEN de nociones poblacionales racialistas como mestizo y amerindio, tomadas por ellos del sentido común, “a la mano” (*ready made*), o tomadas de la literatura de otras disciplinas, y luego

la vinculación con la potente idea de *genoma* tuvo como fin tener un impacto en el espacio público y reforzar los importantes propósitos políticos y estratégicos del proyecto. Parte de la eficacia del INMEGEN fue haber conseguido proyectar su juego de espectros y sus profecías identitarias en torno al mestizo sin ser criticado con demasiado vigor por los diversos públicos interpelados<sup>209</sup>. Un elemento crucial en la retórica utilizada fue el que insistió en que se trataba de un esfuerzo modernizador por parte de un país científicamente atrasado y que, con este esfuerzo se instalaba en las fronteras de la investigación médica y genómica.

El coctel retórico de las sucesivas presentaciones públicas del INMEGEN y su proyecto insignia, en su primera parte, consiguió distraer el ojo crítico de los políticos y minimizar el de las comunidades médicas y científicas. Visto en retrospectiva, podemos afirmar que ni las descripciones populares del proyecto eran adecuadas ni las promesas médicas a futuro sensatas. El apoyo económico estatal para el INMEGEN hasta el 2009 se dio sin demasiados debates públicos. Y sólo unas pocas cejas se levantaron críticamente cuando aparecieron imágenes y lenguajes racialistas (y aun racistas) en los comunicados públicos del instituto que aquí hemos descrito. Los aspectos cuestionables o las exageraciones de las promesas ofrecidas por el instituto fueron poco comentados en el proceso de creación y de afianzamiento de la institución. Salvo algunas excepciones, algunas de ellas muy virulentas y marginales, no hubo en los espacios públicos, ni en la prensa, evaluaciones críticas al proyecto. El espacio público de debate para una empresa de este calado simplemente no se abrió. El éxito del INMEGEN en acallar a sus críticos se debió en gran medida a que se consiguió el objetivo de representar ante políticos y perio-

distas el trabajo futuro del INMEGEN como crucial para el interés nacional y, por lo tanto, la crítica se teñía de tonos malinchistas.

Al asumir ante el ojo público la gran tarea de descubrir científicamente el “genoma mestizo mexicano” y al ligar tal intento con la idea de reforzar la soberanía nacional con base al control de dicho genoma, la empresa se volvió apetecible para políticos y otros actores nacionalistas<sup>210</sup>. La creencia en la existencia de algo llamado “genoma mestizo mexicano” se robusteció al ser movilizados los discursos ideológicos nacionalistas del entorno. El “desciframiento” de tal genoma se vuelve así la empresa científica más natural e importante para esta época y lugar.

Los médicos del INMEGEN tomaron la decisión de abordar cuestiones que tienen que ver con genómica de poblaciones humanas, demografía histórica y antropología física, y lo hicieron buscando posicionamientos y efectos políticos, sin comprender en principio, las dificultades de introducir esas preguntas e hipótesis en sus investigaciones. Esto los alejó de su zona de confort disciplinaria. Entre 2005 y 2009 el proyecto insignia del INMEGEN, “el genoma del mestizo mexicano” fue varias veces modificado tanto retóricamente como científicamente con el fin de entregar dos tipos de resultados: 1) el mapa de haplotipos especial para la población mexicana capaz de facilitar y abaratar la investigación médica en genómica clínica. 2) Un análisis de la ancestría “trihíbrida” de las poblaciones mestizas mexicanas que pudiese sustentar la poderosa retórica política nacionalista del mestizo y con sus afirmaciones exageradas de singularidad y soberanía. Después de lo que debió ser un período muy difícil de ajuste por las tensiones enfrentadas generadas por estas dos metas disímboles, finalmente el 11

de mayo de 2009 se entregó públicamente la publicación con el genoma del mestizo mexicano. Artículo que, como hemos venido diciendo, era muy otra cosa.

Por más que haya sido usada retóricamente, se puede argüir que la noción misma de que hay un genoma nacional mestizo no es sino una cruda reificación de una noción ideológica. Un recurso político valioso para asegurar el financiamiento estatal de proyectos genómicos locales. El caso del proyecto del genoma mexicano del INMEGEN fue acompañado con una campaña mediática muy potente y cuidadosamente diseñada, que le dio una constante presencia en los periódicos y una amplia cobertura mediática de cada uno de los pasos que se daban. En cada ocasión se insistía en los mismos temas: la singularidad genómica mexicana, la necesidad local de controlar el conocimiento genómico (del mexicano), y el ahorro en gastos de salud pública que eventualmente generarían en el futuro el uso de fármacos individualizados. Un beneficio adicional, que en ocasiones se mencionaba, es que tal conocimiento podría favorecer médicamente a otras poblaciones mestizas latinas y latinoamericanas del norte y sur de México, lo cual podría aportar divisas y atraer coinversiones.

Este capítulo intenta resaltar la pregunta de por qué la retórica identitaria del mestizaje vinculada a este proyecto, y la estrategia mediática cuidadosamente orquestada por el INMEGEN, amortiguaron o anularon del todo el debate público en torno a la racialización de la investigación genómica o la nacionalización de un objeto teórico de la genética. Es importante observar que dicha estrategia no ha sido impuesta de forma autoritaria. Las campañas públicas del INMEGEN han conseguido evadir hasta ahora las críticas de varios frentes a los aspectos riesgosos o insensatos de sus

afirmaciones, al darle a cada audiencia un tratamiento diferente, bien calibrado. Los guiños y aspavientos relacionados con una identidad nacional mestiza dada por “una ancestría común y racial” han resonado con la enmohecida pero vigente ideología racial y social entre los mexicanos, que se piensan una nación esencialmente homogénea y mestiza. Sólo se han inquietado un puñado de académicos (entre los que nos contamos) y activistas<sup>211</sup>.

Entre las cuestiones críticas que nunca fueron confrontadas por los defensores de este proyecto, está la necesidad de justificar racionalmente la pertinencia de postular la existencia de un *genoma* característico, peculiar y local (de mezcla racial) compartido por la mayoría de los habitantes de un Estado-nación como México. Las categorías raciales utilizadas como mestizo, amerindio, europeo, africano, entre otras, no pueden pensarse como exclusivamente refiriendo a variantes genéticas estadísticamente ligadas a una región, sino que inevitablemente acarrear significados históricos, identitarios y políticos. De la misma forma, la decisión de considerar los límites políticos como criterios adecuados de demarcación para ubicar una población biológica (a la cual puede atribuírsele razonablemente una estructura genómica de población particular, singular) obedece a una estrategia insuficientemente reflexionada y analizada. La historia que hemos seguido de los primeros años del INMEGEN y su proyecto insignia debe verse como parte de una serie de desarrollos similares a nivel mundial que han brotado en distintos lugares y contextos gracias a la creciente disponibilidad de las potentes biotecnologías de genotipado, y al crecimiento exponencial de los intereses (a menudo enfrentados) biomédicos y biopolíticos de las comunidades y empresas<sup>212</sup>.

---

MESTIZAJE EN EL LABORATORIO,  
UNA TOMA INSTANTÁNEA

---

VIVETTE GARCÍA DEISTER

3110507010300302 son los dieciséis dígitos del código de barras que identifica un criotubo que se aloja, junto con sesenta y tres más, dentro de una caja de plástico en un refrigerador del Laboratorio de Genómica Poblacional del Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN). A partir del código de barras podemos inferir que la muestra se tomó en el estado de Yucatán (31), que corresponde a un donador masculino (1), que se colectó el 1º de julio de 2005 (050701), que el tubo contiene DNA (03), que es la tercera muestra colectada en Yucatán (003) y que el DNA se encuentra a una concentración “de trabajo” de cincuenta nanogramos por microlitro (02). Además, la etiqueta en la base de la caja de plástico indica que el individuo de quien procede esta muestra de DNA es “mestizo”. ¿Pero qué significa esto? ¿Cómo definen *mestizaje* quienes trabajan en el Laboratorio de Genómica Poblacional del INMEGEN? Esbozo una respuesta a estas interrogantes a partir de los apuntes colectados durante mi observación participante<sup>213</sup> en este laboratorio, y de entrevistas con la Dra. Irma Silva



Zolezzi, responsable de la Unidad de Genotipificación y jefa del Laboratorio de Genómica Poblacional.<sup>214</sup>

### *Mestizaje y genética*

Pocas veces se da de manera tan evidente un traslape entre las ideas generadas en el campo de las ciencias sociales (sobre todo en historia y antropología) y la investigación que se realiza en las ciencias naturales, como en los estudios actuales sobre *mestizaje* en la genética de poblaciones humanas en México. La tesis básica de que la mayoría de los mexicanos somos descendientes de un padre europeo (o más específicamente, español) y una madre indígena —el relato fundacional de la nación latinoamericana<sup>215</sup>— ha sido traducida al lenguaje de la genética de la siguiente manera: el mestizaje genético ocurre cuando se reproducen entre sí individuos de dos o más poblaciones que se encontraban en aislamiento. Los efectos de este mestizaje entre las poblaciones europea y amerindia se pueden detectar en las poblaciones actuales mediante el uso de marcadores genéticos.

Aunado al desarrollo de técnicas moleculares, algunas características del DNA humano, como la ausencia de recombinación en el DNA mitocondrial (que se transmite por vía materna de generación en generación) y la porción no-recombinante del cromosoma Y (que se transmite únicamente de padres a hijos varones), hacen posible la “detección” de mestizaje en los laboratorios de genómica de poblaciones humanas<sup>216</sup>. Así, por ejemplo, los marcadores de DNA mitocondrial (mtDNA) y del cromosoma Y (NRY) han sido utilizados para reconstruir patrones de migración humana por las vías materna o paterna<sup>217</sup>.

En México, la heterogeneidad entre grupos de mestizos y al interior de ellos, así como las contribuciones ancestrales materna y paterna (como hemos dicho, mayoritariamente atribuidas a un componente amerindio y a uno europeo, respectivamente), han sido documentadas mediante el uso de marcadores genéticos<sup>218</sup> y continúa siendo un tema de interés para la antropología molecular<sup>219</sup>, la genética de poblaciones antiguas<sup>220</sup> y contemporáneas<sup>221</sup>, la evolución humana<sup>222</sup>, la epidemiología<sup>223</sup> y la medicina genómica<sup>224</sup>.

En los materiales y métodos suplementarios al artículo publicado por Silva Zolezzi, que es el resultado de un esfuerzo por “caracterizar los patrones de diversidad genómica y desequilibrio de ligamiento en mexicanos”, se indica que “todos los participantes [mestizos] declararon tener cuatro abuelos mexicanos nacidos en el estado de reclutamiento y que no se reconocen como inmigrantes recientes”<sup>225</sup>. Esta definición operativa permitió coleccionar muestras en diez estados de la República Mexicana que llegaron al Laboratorio de Genómica Poblacional catalogadas como mestizas. Una de estas muestras es la 3110507010300302, de un donador masculino de Yucatán. Las muestras catalogadas como mestizas presentan, según una de las técnicas del laboratorio, “mezcla de genotipos, diversidad a través de distintas generaciones”<sup>226</sup>. Para Silva-Zolezzi, estas muestras presentan un “conjunto de contribuciones ancestrales”<sup>227</sup> y es ahí donde radica su valor como objeto de estudio: “el genoma de los mexicanos es un objeto de estudio muy valioso dada esta contribución ancestral diferencial, es decir, dado su mestizaje”<sup>228</sup>.

Una de las vías para caracterizar con mayor detalle los patrones de diversidad genómica de los mexicanos (el objetivo del Proyecto de Diversidad Genómica de los Mexicanos en su segunda y última fase) es “infiriendo” mestizaje y ob-

teniendo información acerca de las “dinámicas de mestizaje” a través del DNA mitocondrial y de cromosoma Y de las muestras. La muestra 3110507010300302 y otras provenientes de donadores masculinos<sup>229</sup> se someten a uno o varios análisis de genotipificación por PCR y secuenciación. “El objetivo es asignarle un haplogrupo mitocondrial a cada muestra”<sup>230</sup>. Los haplogrupos mitocondriales más comunes en América son A, B, C y D; uno de los haplogrupos de cromosoma Y más comunes en Europa continental es el R. De este modo, si una determinada muestra presenta un haplogrupo mitocondrial ‘B’ y un haplogrupo de cromosoma Y ‘R’, esto “indica mestizaje”<sup>231</sup>. También como parte del protocolo de investigación, los científicos utilizan marcadores informativos de ancestría (AIMs)<sup>232</sup> para estimar cuál es la proporción de ancestría derivada de cada región geográfica para un conjunto de muestras (o población). Se halló, por ejemplo, que los mestizos de Sonora “presentan un 50% de contribución ancestral materna americana y un 50% de contribución paterna europea”<sup>233</sup>.

Hasta aquí he descrito, a grandes rasgos, cuál es la definición operativa de *mestizaje* y cómo se “detecta”, “infiere” o “indica” en el laboratorio. Veamos ahora qué significados adquiere en las prácticas y en las explicaciones.

### *El mestizo continuo y el mestizo discreto*

Una vez que se encuentra una muestra de DNA en el Laboratorio de Genómica Poblacional, podemos distinguir tres fuentes de información sobre su clasificación como “mestiza”: (1) el diseño del muestreo, donde la geografía es un indicador de mestizaje<sup>234</sup>, (2) la genotipificación, donde la

presencia de determinados haplogrupos —mitocondriales y de cromosoma Y— son indicadores de mestizaje y (3) la identificación de contribuciones ancestrales basada en marcadores nucleares informativos de ancestría (AIMs), a partir de la cual se cuantifica el mestizaje. Si bien la genotipificación de haplogrupos, la cual se realiza diariamente en decenas de muestras, confirma invariablemente que la etiqueta “mestizo” es correcta (y en este sentido, la genotipificación no aporta más que evidencia genética cualitativa<sup>235</sup> de que la muestra de un individuo catalogado como mestizo en efecto lo es), la maleabilidad de esta categoría al interior del laboratorio se pone de manifiesto al confrontar los usos del mestizaje con base en evidencia cualitativa y cuantitativa.

Durante una entrevista con Silva Zolezzi se hizo evidente que, tras la determinación de haplogrupos mitocondriales y de cromosoma Y, el mestizaje puede entenderse como una categoría discreta: sé es mestizo o no se es mestizo. O bien, tras la cuantificación de AIMs puede entenderse como un continuo, donde un individuo puede presentar mayor o menor grado de mestizaje dependiendo de la distribución de sus contribuciones ancestrales.

VG- ¿Tú dirías que el mestizaje es un continuo? ¿Se puede ser más o menos mestizo?

ISZ- Claro. Por supuesto.

VG- ¿Y cómo evalúas eso?

ISZ- ¡No! Más o menos no. Mestizo eres si tienes 90 y 10 ó 95 y 5. Mestizo eres si eres del extremo europeo, del extremo indígena o cualquier lugar en el medio;...con que tú tengas combinación eres mestizo.

VG- ¿Pero puedes ser más mestizo o menos mestizo?

ISZ- No, no eres ni más mestizo ni menos mestizo, y a

veces usamos eso, y yo creo que hasta yo lo uso y es erróneo. Incorrecto...Eres mestizo, eres un mestizo con mayor contribución indígena o mayor europea, o eres un mestizo con 50/50 o eres un mestizo 70/20/10 [indígena, europea y asiática] pero eres un mestizo.

VG- La categoría discreta ¿es mestizo?

ISZ- Sí.

VG- Lo que se vuelve cuantificable es...

ISZ- Es la contribución ancestral. Sí, y creo que deberíamos ser más cuidadosos...Lo decimos, y estoy segura que yo lo he usado. “Esta población es la más mestiza”...la más mestiza porque tiene más divididas sus contribuciones ancestrales, no está tan enriquecida de una o tan enriquecida de otra. Eso es como yo lo he llegado a utilizar, pero si lo pienso, en realidad todas las subpoblaciones que nosotros hemos ido agrupando por regiones, pues todas son mestizas...con diferentes cualidades dentro del mestizaje en términos de estas contribuciones ancestrales, su herencia histórica y su historia demográfica.

A pesar de esta aclaración, minutos más adelante en la misma entrevista, así como en otras conversaciones, Silva Zolezzi vuelve a expresarse en términos de mayor o menor grado de mestizaje: “pudimos detectar un poco de mestizaje materno”<sup>236</sup>. Ello sugiere que estas ideas cumplen un papel explicativo que no puede atribuirse simplemente a una forma coloquial de hablar. El mestizaje se vincula en un extremo del continuo con la noción de diversidad (a mayor diversidad mayor mestizaje), y en el otro extremo del continuo con la noción de pureza (a mayor pureza menor mestizaje). El mestizo y el indígena se localizan siempre sobre este continuo sin llegar a ocupar los extremos. En los mestizos “la

tendencia es a alejarse del grupo continental europeo o del grupo continental indígena”, mientras que los grupos indígenas “están más cerca” unos de otros presentan “menos dispersión”<sup>237</sup>.

ISZ- Los mayas tienen mayor grado de mestizaje que estas [otras poblaciones indígenas]...mayor diversidad...

VG- Mayor grado de mestizaje ¿significa?

ISZ- Que no hay ninguna población indígena que conozca o de la que tenga referencia que sea 100% indígena, pura entre comillas; la palabra puro no existe.

VG- Entonces las dos categorías que se han usado para describir a la población mexicana son: ¿mestiza e indígena?

ISZ- Lo que pasa es que en las poblaciones indígenas el rastro de mestizaje que detectas es más pequeño que la población mestiza, que es su definición.

VG- ¿Por eso las distingues? ¿Es una etiqueta operativa?

ISZ- Sí, porque así es, y tú vas a las poblaciones y lo notas.

Las poblaciones indígenas no sólo son indígenas genéticamente, son indígenas en cultura, en usos y costumbres, se autodenominan y correlaciona con su genoma...pero hay individuos dentro del grupo que cargan genes y variantes y genoma europeo...generalmente es una proporción mucho menor que el promedio mestizo...Ahora, que en los individuos que nosotros hoy en día detectamos casi como 100% indígenas debe haber rastros de mestizaje que nosotros no somos capaces de detectar, seguramente. Porque si tú detectas dentro de treinta individuos cuatro que tienen clara evidencia de mestizaje aunque sea en una proporción pequeña, pero la tiene, es de esperarse que toda la población tenga cierta traza de mestizaje...

La idea de que el indígena es una parte constitutiva de la nación mestiza<sup>238</sup> no se encuentra sola en el conjunto de presupuestos que subyacen (y muchas veces, guían) la investigación genómica de poblaciones mexicanas. En este último pasaje Silva-Zolezzi nos revela la idea contrapuesta (aunque mucho más diluida) que incluso los indígenas que hoy se considerarían “puros” pueden presentar mestizaje en una proporción minúscula, en la forma de “rastros” o “trazas” apenas detectables por los científicos en el laboratorio. Algo similar ocurre con la contribución ancestral “afromestiza”: es “pequeña y muy regionalizada, casi imperceptible, pero ahí está”<sup>239</sup>.

### Niveles de organización del mestizaje

Además de oscilar entre dos acepciones del mestizaje (continuo y discreto), el trabajo en el Laboratorio de Genómica Poblacional transcurre entre dos supuestos básicos respecto del mestizaje: (1) que se puede detectar en un cierto nivel de organización: el genético-molecular, y (2) que el mestizaje genético tiene correlación con el mestizaje en el nivel de organización social/cultural<sup>240</sup>.

ISZ- Tú puedes distinguir aquel que es mestizo a nivel genético de aquel que no lo es...

VG- ¿En términos de contribución ancestral?

ISZ- De contribuciones ancestrales...o sea, a nivel genético, el mestizaje a nivel genético, el origen europeo, el origen asiático, esas cosas las puedes definir a nivel genético y es hermoso, porque correlacionan con lo demás de manera muy importante. No al 100%, porque, por supuesto —y eso siempre lo he discutido— que si fuéramos a Europa y genotipicáramos a todos los indivi-

duos, es muy probable que encontráramos a un mestizo que se considerara absolutamente europeo y que no tuviera ni siquiera conocimiento de que es mestizo, y entonces ese individuo viviera legal, socialmente como un individuo de otra región del mundo aunque genéticamente sea de ésta. Y entonces, ¿qué lo define? ¿Eso o esto? Obviamente, esto [lo genético] no es absoluto. Pero claro, la mayoría de los individuos que habita en este país tiene un perfil genético en términos de contribuciones ancestrales que corresponde a nuestra historia...y así a lo largo del mundo.

Sobre la posibilidad de “definir” genéticamente el mestizaje en términos de contribución ancestral, Silva Zolezzi comenta:

ISZ- Puedes hacerlo a nivel de haplogrupo mitocondrial y Y en los hombres. Si un individuo tiene mitocondrial indígena y Y europeo, lo puedes definir como mestizo. Ahora, te puede suceder que un individuo tenga los dos europeos o los dos indígenas y tú a nivel de esos haplogrupos no lo puedas definir como mestizo. Yo tengo varios de esos. Imagínate a un individuo, te dan la muestra, tú no sabes su historia, no sabes su nombre, no sabes quién es y tú le haces su haplogrupo mitocondrial y su haplogrupo de Y. Te puedo decir, en Oaxaca tienes al 60% de tu población mestiza —de hombres mestizos— que te van a salir mitocondrial indígena y Y indígena, igual que sale en todos los grupos indígenas... y tú ahí no podrías decir si ese individuo, si sólo le medí su mitocondrial y su Y a nivel genético, yo no puedo decir si ese individuo es mestizo o es indígena...

VG- ¿Tienes que ver [DNA] nuclear?

ISZ- A fuerza. A través de visitar el nuclear en marcadores que sabemos que tienen diferenciación entre europeo e indígena —y un número substancial, porque si agarro cinco marcadores nucleares en un individuo que tiene Y y mitocondrial indígena, ten-

go altísima probabilidad de que esos cinco me salgan indígenas y yo me vaya con la idea de que ese individuo es indígena. Pero si le hago 100 me voy a dar cuenta que no: ese individuo es mestizo porque empieza a presentar marcadores europeos. Y si le hago 1000 y si le hago 1500 voy a ir afinando esas contribuciones.

VG. ¿A qué nivel de organización puedes detectar mestizaje?

ISZ- Puedes hacer un número substancial —por substancial estoy hablando de arriba de 200 marcadores informativos a nivel nuclear. Alrededor de 250 es lo que nosotros hemos visto que ya te permite una clasificación muy clara a nivel genético de mestizo/no mestizo y grado de mestizo. Y quizá con unos cuantos menos y el mitocondrial y el Y también podrías tener ya un grado de información interesante.

Este “ir afinando” las contribuciones ancestrales abre la posibilidad de que una muestra catalogada como indígena por la técnica de muestreo y catalogada como tal mediante la genotipificación de sus haplogrupos mitocondrial y Y, se transforme en “mestiza” tras la persecución de marcadores informativos de ancestría. Pero lo contrario no ocurre: una muestra catalogada como mestiza no se convierte en indígena después de un análisis de marcadores informativos a nivel de DNA nuclear —a lo sumo, se llega a una mejor estimación de su contribución ancestral indígena. Estas estimaciones, dice Silva Zolezzi, apuntan a “diferentes cualidades dentro del mestizaje”, son “aproximaciones, siempre aproximaciones con un grado de error que va ser imposible de borrar... que viene del hecho de que los marcadores no son exclusivos... pero funcionan como diferenciadores, y los puedo utilizar en mi estimación de [contribución ancestral de] europeo e indígena”<sup>241</sup>. Lejos de desconfirmar el relato fundacional de la nación mexicana, la posibilidad teórico-metodológica de hallar contribuciones ancestrales europeas en

una muestra “indígena” lo refuerza: a la luz de la nueva genética, ninguna población indígena actual ha podido resistir los efectos del mestizaje. No hay retorno del mestizo al indígena.

## Conclusiones

A pesar de que los miembros del Laboratorio de Genómica Poblacional del INMEGEN comparten una definición operativa de mestizaje que es la que utilizan todos los días en sus prácticas y experimentos, durante mis entrevistas con Irma Silva Zolezzi emergieron dos nociones de mestizaje que juegan diferentes papeles explicativos. Una —el mestizo continuo— se entiende en términos de la proporción de contribuciones ancestrales y sirve para comparar entre sí individuos o subpoblaciones (e. g. los individuos de Zacatecas son más mestizos que los de Sonora, o dentro de las muestras de Zacatecas hay individuos que son más mestizos que otros), mientras que la otra —el mestizo discreto— simplemente designa si un individuo es mestizo o no lo es. En la estrategia muestreo, esta segunda noción funcionó también como un diferenciador: “algunas veces se rechazaron donadores porque no cumplían con los criterios de mestizo o indígena”<sup>242</sup>, vigorizando así la taxonomía dual mestizo/indígena comúnmente utilizada para clasificar las poblaciones mexicanas y que constituye el punto de partida de esta investigación genómica.

Según los científicos que entrevisté, la clasificación mestizo/indígena utilizada por el INMEGEN no fue cuestionada por los editores del *Proceedings of the National Academic of Sciences* (PNAS), ni por ninguna otra publicación, en relación con el debate sobre el uso de clasificaciones racionales en la genómica<sup>243</sup>. En buena medida, la taxonomía no despertó in-

quietudes porque la presencia de más de una categoría (es decir, el reconocimiento del otro —del indígena) es considerada como un indicador de diversidad. Como escribiera el antropólogo molecular Michael Crawford, ante la imposibilidad de agrupar a los humanos en paquetes raciales bien definidos, “el concepto de diversidad poblacional parece ser todo lo que se requiere para la búsqueda de genes”<sup>244</sup>.

Si bien el Proyecto de Diversidad Genómica de los Mexicanos se concentra en el nivel de organización genético, hay un constante transcurrir del nivel genético al nivel social/cultural en el discurso de Silva Zolezzi. Éste responde, por un lado, a la presencia en el laboratorio de una narrativa histórica que se acopla con el lenguaje de la genómica. Por ejemplo, una técnica de laboratorio tiene una imagen que agrupa linajes de haplogrupos mitocondriales pegados en un corcho en su estación de trabajo, y lo utiliza constantemente como referencia. Aunque la imagen representa tres linajes: el africano, el asiático y el europeo (todos definidos en términos de polimorfismos), en su lectura de esta imagen ella entreteje una narrativa histórica que habla de migraciones humanas (“el seguimiento de haplogrupos mitocondriales permite reconstruir la historia de migración humana”)<sup>245</sup>, y del poblamiento del continente americano, hasta el momento definitorio de su investigación genómica: la conquista y el mestizaje entre hombres europeos y mujeres indígenas. Por otro lado, este transcurrir del nivel genético al social/cultural se puede entender como un esfuerzo de Silva Zolezzi por integrar los resultados de la investigación genómica con el conocimiento que proviene de la antropología<sup>246</sup> y, de manera más ambiciosa, por descubrir las “verdaderas dinámicas poblacionales”<sup>247</sup>, donde las gráficas que resultan de su investigación y análisis de datos son un “retrato de la realidad mexicana”<sup>248</sup>.

---

**PROTEGIENDO EL “MEXTIZAJE”: EL INMEGEN  
Y LA CONSTRUCCIÓN DE LA SOBERANÍA GENÓMICA**

---

ERNESTO SCHWARTZ MARÍN

Se ha acuñado incluso ya el término de la soberanía genómica, los países que se están rezagando van a perder su soberanía genómica, vendrán otros a estudiar las poblaciones y luego venderles ese conocimiento, porque la medicina del futuro va ser una medicina basada en el conocimiento del genoma, a través del cual vamos a poder predecir, para cada persona, es decir una medicina individual y personalizada

JULIO FRENK MORA, abril 2004<sup>249</sup>

Los mapas son herramientas de control, apropiación y expresión ideológica.

ADELE CLARKE (2005:30).

El Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), fue creado oficialmente “para la regulación, promoción, fomento y práctica de la investigación y aplicación médica del conocimiento sobre el genoma humano”<sup>250</sup> en 2004, después de un intenso año y medio de negociación y cabildeo en el Congreso Mexicano<sup>251</sup>. Fundándose en la promesa de generar una medi-

cina más “predictiva, preventiva y personalizada”, la negociación llevada a cabo por un grupo de médicos, investigadores y servidores públicos de la salud resultó ser bastante exitosa; asegurando un presupuesto de más de 120 millones de dólares, más donativos privados, para el financiamiento y creación de una plataforma de investigación en genómica poblacional con miras a desarrollar futuras aplicaciones médicas<sup>252</sup>.

Parecería que los lineamientos, preocupaciones y políticas surgidos de organizaciones internacionales como la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económico (OCDE), la Organización de las Naciones Unidas para la Educación, la Ciencia y la Cultura (UNESCO) y la Organización Mundial de la Salud (OMS) han sido simplemente transcritos punto por punto por el INMEGEN<sup>253</sup>. Sin embargo la creación del INMEGEN estuvo acompañada de varios acontecimientos y conceptos inéditos: 1) El primer Instituto Nacional de Salud que fue discutido en el congreso a través de votaciones abiertas; 2) El primero en su tipo en Latinoamérica y el primero en estar completamente integrado en el sistema de salud mexicano; 3) El epicentro de un *ethos* conocido como soberanía genómica que es una aportación mexicana al campo político-conceptual de la genómica.

El propósito del presente capítulo es explorar las dimensiones conceptuales y prácticas de la soberanía genómica en México. El análisis se alimenta de datos etnográficos, centrado en las implicaciones y líneas discursivas que le han dado forma a esta concepción biopolítica<sup>254</sup>. Entiendo la biopolítica como un conjunto de mecanismos, tanto tecnocientíficos como sociales, destinados a incrementar la vitalidad de una población; maximizando sus características positivas (esperanza de vida, productividad) y minimizando las negativas (mortalidad, morbilidad).

Sin embargo, a diferencia de la biopolítica disciplinaria del siglo XVIII-XIX que se ejercía sobre los cuerpos para corregirlos hasta llegar a un punto de normalidad, la biopolítica a la que me refiero no tiene como objeto de intervención el cuerpo del individuo, sino el cuerpo colectivo y múltiple de la población. La soberanía genómica pretende crear nociones político-jurídicas en torno al patrimonio genético de los mexicanos. Con ello pretende generar mecanismos que maximicen las potencialidades de mejora médica de la genómica, y reducir al máximo sus posibles riesgos (como la hegemonía de un país sobre otro o la apropiación y colonización del material genético de pueblos enteros).

Entender la soberanía genómica como una noción biopolítica, implica problematizar los supuestos biológicos en los que se fundamenta un *ethos* que tiene como objetivo proteger el patrimonio genómico mexicano, así como las prácticas que pretende generar. Las afirmaciones que hago parten de casi dos años de observación participante tanto en el laboratorio de genómica poblacional del INMEGEN, así como en su Centro de Estudios, Éticos, Legales y Sociales (ELSI).

A lo largo del trabajo etnográfico encontré variaciones en la noción de la soberanía genómica, según ocurriera en contextos destinados a la protección del Estado-Nación, o en contextos multiculturales, destinados a la defensa de los derechos de grupos vulnerables, especialmente indígenas. Sin embargo la concepción de la soberanía genómica que hallé no es tan maleable como para que no podamos reconocer ciertas demarcaciones etno-políticas que eluden la vaguedad que permitiera que cualquier agenda social se adueñara de esta categoría. Para hacer eso claro, las secciones de este análisis están destinadas a delimitar el campo conceptual bajo el que la soberanía genómica tomó forma en México en años recientes.

La primera aparición de la noción de soberanía en su modalidad genética-molecular se dio en el marco de las negociaciones para crear el INMEGEN. Es en este período (1999-2004) se plantearon las condiciones de posibilidad que les han permitido tanto a legisladores como médico-políticos dar por hecho una “singularidad” biológica-mexicana. Junto con ello ha surgido la necesidad de crear un aparato administrativo/legislativo en torno a esta nueva tecno-ciencia. Entender y criticar las maneras en las que se ideologizan las raíces biológicas de una nación es parte central<sup>255</sup> y punto de partida de mi análisis. Lo que haré es explorar las implicaciones que los discursos biológico y nacionalista han tenido en distintas prácticas y mundos sociales<sup>256</sup>; especialmente en la esfera ético-política en México.

Para ello contrasto el discurso de algunos actores claves en la negociación que precedió al INMEGEN con la percepción de algunos científicos y académicos críticos del proyecto para finalmente analizar el traslado a la ley de aquellas visiones. Me concentraré en las contradicciones que la noción de soberanía genómica genera. Quiero resaltar que esta última sección pone de manifiesto las contradicciones entre la regulación y la producción científica. Mi tesis es que estas contradicciones no son producto de un conflicto de intereses o de pugna entre grupos (aunque sea un ingrediente del escenario social), sino un problema entre dos espacios de producción de conocimiento que funcionan bajo regímenes ontológicos opuestos.

### *Singularidad biológica y soberanía molecular*

La noción de soberanía genómica está fundada en la idea de una “singularidad biológica mexicana”. Gracias a la postulación (polémica) de una diferencia genética entre los “mestizos

/ indígenas” y otras poblaciones mundiales definidas por el proyecto HapMap, la estructura genética de los mexicanos es asumida por los políticos y los científicos como fuente de valor<sup>257</sup>. Como tal podría utilizarse alternativamente para aumentar las asimetrías o para promover la igualdad y extender los beneficios en salud a las mayorías. Frente a la posibilidad de quedar rezagados en la nueva revolución genómica, se hizo el llamado político para activar lo antes posible este nuevo campo y para la adopción de una serie de estrategias para evitar que el conocimiento de nuestra propia biología en manos ajenas se transformara en una herramienta de dominación.

Eugene Thacker<sup>258</sup> describe dos características de la política post genómica que coinciden con los supuestos básicos detrás de la noción de “soberanía genómica”. La primera es que con la genética molecular “...un nuevo tipo de identificación y diferenciación se ha producido en los cuales los individuos y las poblaciones pueden ser analizados y regulados de acuerdo a sus características únicas”<sup>259</sup>. El segundo hace una analogía entre el colonialismo clásico y los nuevos avances en ciencias biológicas, específicamente la genómica poblacional:

Si el colonialismo ha implicado históricamente el uso de la fuerza o coacción con el fin de apropiarse de la gente, la tierra y la economía, el biocolonialismo nos presenta una situación en la que los cuerpos de los colonizados son la tierra y la economía. En este caso, la “población” se transforma en el territorio y los recursos, y en las empresas con mayor motivación económica, estos recursos, a su vez se traducen en biovalor<sup>260</sup>.

Ciertos empresarios genómicos<sup>261</sup> mexicanos como Julio Frenk o Gerardo Jiménez Sánchez hicieron de esas dos premisas el fundamento de su labor de cabildeo a favor del INMEGEN. Mi



observación participante en el INMEGEN me ha llevado a concluir que la movilización de estas nociones es lo que ha desencadenado una serie de reclamos políticos, que apuntan a apoyar la idea de una soberanía nacional a nivel molecular. Las declaraciones de un científico mexicano recuperadas por Beatrice Seguín, y presentadas en las celebraciones del 5<sup>o</sup> aniversario del INMEGEN en el Senado mexicano, siguen esta misma idea:

Países del primer mundo tienen los mejores recursos... así que es muy difícil para nosotros encontrar un área de oportunidad, terriblemente difícil, si hablamos de electrónica, la informática... Si se habla de genética y genómica, al ser tan especial en nuestra población, teniendo este enorme recurso que es nuestra historia [patrimonio genómico] y creo que definitivamente lo podemos hacer.

La idea de generar y proteger una nueva ciencia sustentada en el conocimiento de la población, su historia demográfica y su biología “única”<sup>262</sup>, resuena con la concepción de una nación mestiza, que es el producto del encuentro cultural / reproductivo entre los españoles y las comunidades indígenas (esto, por cierto, es el enfoque más simplista del origen del mexicano).

Al afianzar las conexiones parciales entre una población como la mexicana y su carácter biológico excepcional, se establece la imposibilidad de importar el conocimiento de otro país del norte y se ofrece, al mismo tiempo, la promesa de utilizar los mismos conocimientos técnicos para genotipificar a otros países de América Latina que tienen una historia demográfica similar. Se puede señalar aquí una ambivalencia fundamental en el discurso que es capaz de reforzar el carácter nacionalista de la genómica poblacional y su expansión internacional al mismo tiempo. De ese modo un proyecto de genotipificación poblacional a gran escala se concie-

be no sólo como la plataforma para nuevos medicamentos y diagnósticos en espacios internacionales, sino como una estrategia para proteger la amenazada seguridad nacional.<sup>263</sup>

LA SINGULARIDAD BIOLÓGICO-MEXICANA,  
CONDICIÓN DE POSIBILIDAD PARA LA SOBERANÍA GENÓMICA

México tiene extraordinarias oportunidades en sus poblaciones aisladas, con un alto grado de consanguinidad, genéticamente muy homogéneas, características que permitirán realizar el aislamiento e identificación de los genes que causan enfermedades o los que ofrecen resistencia a ellas (Jiménez –Sánchez 2002; Traducción hecha por el autor).

...el genoma humano es heredado de padres a hijos y así como heredamos los rasgos físicos y los hijos se parecen a nosotros, esto es en general en todo el mundo creando el parecido poblacional, reflejo en las razas.

Esto quiere decir, que los descubrimientos y conocimientos de la población en el mundo, no se van a poder importar a México, ya que las variaciones de genoma humano en otras regiones del mundo son diferentes. Es por ello, que los genes que nos hacen susceptibles a enfermedades como la diabetes, hipertensión o infartos, incluso infecciones como el VIH o hepatitis, no son compatibles con los SNP´s de otras regiones; de allí la importancia de que México detecte por medio de estudios e investigaciones cuales son las características de las cargas de SNP´s de la población, para poder aterrizar esta información en proyectos bien destinados a la preservación de la salud de los mexicanos (Acta de la reunión de trabajo de la comisión de relaciones exteriores organismos internacionales, 2003: 3).

La mayor parte de la población Mexicana contemporánea está formada por mestizos, producto de la mezcla entre grupos indígenas y españoles que ha dado lugar a una estructura genómica propia. Es por ello que los productos y servicios que se generen en poblaciones anglosajonas, europeas o asiáticas, difícilmente podrán ser de utilidad plena para la población mexicana. La medicina genómica no podrá simplemente importarse de países más avanzados, cuyas poblaciones tienen perfiles genómicos diferentes al de los mexicanos (Taracena E, Jiménez- Sánchez G. 2005: 4).

La creación de un mapa de variabilidad genética común haría posible la traducción de la “singularidad biológica mexicana” en beneficios públicos, tanto en economía como en salud, para el Estado mexicano.

A continuación presento una síntesis de los argumentos que sirvieron de fundamento tanto a la creación del Proyecto de Diversidad Genómica Mexicana (PDGM), como a la creación de un instituto nacional de salud dedicado a crear, explotar y proteger la nueva herramienta tecnológica que sería el Mapa genómico que se obtendría:

1. La compleja historia migratoria mexicana y su composición étnica hacen imposible importar el conocimiento genómico de los mexicanos, y sus usos médicos en el futuro.
2. Si en todo caso es posible importar este conocimiento, solamente haría a los mexicanos más dependientes de países extranjeros. Al contrario, si esta investigación se desarrolla internamente, generará ahorros enormes en el cuidado médico, e incluso se convertirá en la semilla para una economía basada en el conocimiento.
3. Puesto que no se incluyeron a los mexicanos y a otras poblaciones mezcladas en el proyecto internacional de Haplotipos humanos (HapMap); crear un mapa del haplotipos no sólo sería útil para los mexicanos, sino para otras poblaciones latinoamericanas con una historia migratoria (es decir ancestral) similar.
4. Gracias al progreso exponencial de las tecnologías de secuenciación, leer ciertas partes del genoma a través de haplotipos y de SNP's etiqueta reducirá los costes derivados de encontrar mutaciones relacionadas con ciertas enfermedades. Por supuesto hasta que la tecnología sea tan barata, que genomas enteros se puedan leer en vez de los haplotipos.<sup>264</sup>

Cinco años después de la creación del INMEGEN, estas trayectorias discursivas seguían siendo el principal motor de una retórica ampliamente reproducida, tanto en artículos de promoción científico-estratégicos, así como en los medios masivos de comunicación.

Sin embargo también ha sido objeto de importantes críticas y cuestionamientos, de tal forma que lo que anteriormente se denominaba popularmente como “El mapa del genoma de los mexicanos”, fue posteriormente sustituido por “El mapa del conocimiento genómico de poblaciones mexicanas”<sup>265</sup>. La siguiente sección presenta reacciones críticas frente a la reificación de la nacionalidad mexicana, lo que de ahora en adelante llamaré “Mextizaje”, por parte de grupos académicos y expertos en el área.

### ¿Existe un “Mextizaje”?

La fusión entre la “etnicidad” mestiza mexicana, basada en la genómica, y la reificación de la identidad mexicana tanto en sus dimensiones territoriales como culturales es lo que llamo “Mextizaje”<sup>266</sup>. Esta reificación ha viajado con relativa facilidad. La encontramos circulando por los medios de comunicación masiva, en el Congreso de México, redes internacionales y en los circuitos académicos. Un ejemplo de su circulación internacional se puede encontrar en una declaración del Dr. Edison T. Liu, Presidente de la Organización Mundial del Genoma Humano (HUGO), un día después del anuncio en medios de comunicación masiva donde se presentaban los resultados del Mapa Genómico de los Mexicanos: “Este trabajo por el grupo el INMEGEN no es sólo importante por el contenido científico que puede ser usado

para dirigir la medicina personalizada en México, sino también por su impacto sociológico en la definición de la singularidad del patrimonio genético de México”<sup>267</sup>.

En Canadá, los investigadores del McLaughlin Rotman Center no sólo aceptaron la noción de independencia genómica, sino que han hecho del concepto nacido en México una categoría emergente ideal para la política en investigación genómica del mundo en desarrollo. Para ellos encarna una especie de *ethos* post-colonial para el sur global: “Los países en desarrollo no pueden confiarse del altruismo de los intereses económicos de Occidente para hacer frente a necesidades concretas de salud de sus poblaciones... y la compra de productos de salud a Occidente sólo contribuyen a una dependencia continua de los países en desarrollo de los países vecinos, más ricos del norte”<sup>268</sup>. Se trata de articular propuestas políticas basadas en la existencia de un patrimonio genómico, que no sólo no es cuestionado, sino que debe ser bien definido y protegido.

Estos posicionamientos han sido cuestionados por muchas audiencias. Una de estas audiencias críticas en México está compuesta por filósofos y biólogos, preocupados por una reificación cientificista genética de la mexicanidad:

Entre las cuestiones críticas a las que nunca se han enfrentado los defensores de este proyecto es la necesidad de justificar, racionalmente, el postular la existencia de una característica peculiar, local (racionalmente mezclada) de un genoma compartido por la mayoría de los habitantes de un Estado nacional, con la compleja historia demográfica de México<sup>269</sup>.

En la misma línea de pensamiento, el doctor Elías, genetista poblacional, antiguo aliado y ahora un abierto crítico del discurso del INMEGEN, comenta:

La soberanía “genómica” es una exageración... que un país... geográfica y políticamente representa un genoma diferente... del resto del mundo, como si fuéramos una especie diferente, y ¡no! ¡Somos de la misma especie! La política, que es la que define los países... es casual, aleatoria... no tiene nada que ver con la estructura de los genes. La soberanía genómica es un concepto muy exagerado.

Según él es aceptable la soberanía en el ámbito económico o tecnológico, pero no hay lugar para una noción de soberanía posible a través de nuestro patrimonio “genómico”. Críticas similares han sido voceadas por varios científicos y bioeticistas. Una influyente especialista en bioética, —la doctora Laura— encuentra eso del “Mapa genómico de los mexicanos” y su cobertura en los medios de comunicación que celebraban la noción de nuestra “singularidad biológica” bastante preocupante e inconsistente:

También escucho contradicciones... en las declaraciones de la prensa... que uno de los argumentos para defender el INMEGEN, y el genoma de los mexicanos, es porque no podemos comprárselo a nadie. Debido a que la información que sale de ella, sólo es útil para quienes lo crean.... entonces, si no lo hacemos nosotros mismos estamos icondenados! ... No sería útil incluso, si todos los demás terminan haciendo el mapa de sus poblaciones... y luego escucho al Director General diciendo que esto era tan importante que otras poblaciones en América Latina podría beneficiarse de él... y yo digo ¿cómo? Si no podíamos beneficiarnos nosotros de los otros [los mapas existentes], cómo los demás se van a beneficiar del nuestro... veo una gran inconsistencia.

Incluso para los que piensan que una ley para proteger la soberanía no está completamente fuera de lugar, es necesario cuestionar este concepto:

La idea general de la soberanía y la ley no es mala... pero hay que cuestionarla, ya que no hubo ningún tipo de debate público antes de su instauración... lo que es preocupante es que fácilmente podría ser mal interpretado por algunas personas, o ser apropiado para un mal uso como bandera para el racismo y la discriminación<sup>270</sup>.

### La protección del “Mextizaje”

Lo que se está protegiendo no es el conocimiento sobre los genes... y sobre todo la protección es para que intereses privados no... generen barreras de acceso a ese conocimiento y a los desarrollos tecnológicos a los que pudieran dar lugar. Los ejemplos ahí están de Islandia, el conocimiento del genoma de esa población y otros ejemplos donde por el hecho de poder patentar secuencias genéticas el acceso ulterior a ese conocimiento y sus aplicaciones en desarrollo tecnológico podría estar limitado... y limitar entonces los grados de libertad que un Estado tiene para promover la salud de su población... creo que lo que se protege es en sí no son los genes, sino el conocimiento...

JULIO FRENK MORA, 2009

Está claro que la materialización progresiva de la soberanía genómica, a través de mecanismos jurídicos, implica modular un conjunto de nociones contradictorias. En esta sección me centraré en dos espacios interconectadas que ilustran la fascinación e intensa perplejidad que el genoma humano

produce en los mundos sociales involucrados e interesados en la regulación genómica. El primero de estos roces se da en la circulación de DNA “mexicano”, y en su existencia legislativa como un patrimonio nacional. El segundo enfrentamiento se anida en un dilema clásico de la política liberal: la relación entre lo público (colectivo) y lo privado (individual) en el derecho de propiedad.

La adhesión de muchos científicos, congresistas y académicos mexicanos a la doctrina del patrimonio común y a la Declaración Universal sobre el Genoma Humano y los Derechos Humanos de la UNESCO fue abierta e incondicional. En la exposición de motivos de las leyes seminales que sirven como precedente para la creación del INMEGEN, el genoma humano fue tratado como patrimonio —real— de la humanidad, y como el elemento más íntimo en la constitución de la misma:

La defensa hecha por la UNESCO en el proyecto del genoma humano como patrimonio de la humanidad es coherente con el derecho del ser humano a la libertad y la democracia, el derecho a la salud, la dignidad, la justicia y el bienestar. La idea es proteger, con esto, nada más, que lo que es más íntimo, que es la herencia genética, de la agresión del exterior, por grupos racistas y personalidades delirantes, o empresarios transnacionales sin escrúpulos, dispuestos a especular salvajemente con lo más sagrado del ser humano: su herencia genética (Precedente de la ley sobre la soberanía genómica, la Gaceta Parlamentaria 2001)

Al reclamar una nueva modalidad de la soberanía, el Consorcio Promotor para la Medicina Genómica<sup>271</sup> no sólo agregaba un adjetivo a la ya atestada lista de modificadores de la soberanía (plural, social, democrática, Westfaliana, limitada, tribal, absoluta, externa..., etc.), sino que estaba deli-

neando un novedoso recurso socio-imaginario que se enraíza en sentimientos anticoloniales y en el afán histórico por obtener independencia política. La interpretación de la declaración internacional fue dirigida, desde el inicio del diseño jurídico del INMEGEN, contra las posibles amenazas de saqueo exterior<sup>272</sup>.

Sin embargo, la transición de una relación difusa entre la seguridad nacional, la singularidad genética de México y la medicina genómica, a una ley que regula, vigila y castiga la salida de material genético humano del territorio nacional, no obedeció a ninguna estrategia jurídica prevista de antemano.

Según altos funcionarios y expertos en bioética dentro del INMEGEN, la legislación fue una respuesta ante la biopiratería y ante lo que ellos llaman “investigación Safari”, específicamente ante los procedimientos del proyecto *Genographic de National Geographic*. También influyó el permiso de patente pedido a la oficina mexicana de propiedad intelectual, por Myriad Genetics sobre los genes BRCA-1, BRCA 2. Según el Dr. Jiménez Sánchez, ambos intervinieron directamente en la materialización del nuevo marco regulador soberanista:

Dado que esta era ya una realidad, la ley fue más real! No sólo fue el saqueo de las comunidades indígenas, pero la hegemonía de una nación sobre otra, por el conocimiento del genoma, y entonces el concepto de la soberanía genómica, del que estaba hablando en el año 2001-2002 fue tomando forma con ejemplos concretos, productos y poblaciones!

La defensa de un determinado “patrimonio genómico mexicano” generó una legislación que sanciona la exportación de material genético: fracción IX del artículo 3, un título de 5.º bis y su capítulo único, y el artículo 421 de la Ley Nacio-

nal de Salud. El código de conducta implícito en la ley exige que se demuestre un beneficio para México, y que si se omite anulará las reivindicaciones de propiedad intelectual:

El requisito es... que debe haber beneficios para México... pero implícitamente incluye otro punto, que si se tomaron muestras sin permiso, y se ha generado propiedad intelectual, y quieren llevarla a México para generar altos beneficios [...] la propiedad intelectual no será reconocida!

Las primeras críticas hacia la genómica humana en México y a sus promesas de desarrollo, emancipación y la institucionalización de un nuevo bien público nacional, fueron realizadas por la organización no gubernamental contra la Erosión, Tecnología y Concentración (ETC). La oposición de este grupo a proyectos de genómica humana se remontaba, en la escena internacional, hasta el comienzo de la década de los noventa y el nacimiento del Proyecto de Diversidad del Genoma Humano (PDGH), una empresa internacional que quería describir la variación genética en las “poblaciones aisladas”. Aunque desconocido para la mayoría de los organizadores de proyectos de diversidad genómica en México, el grupo ETC ha estado activo desde la década de 1970, en un movimiento que vincula la identidad, la supervivencia de poblaciones indígenas y campesinos en el sur del hemisferio con prácticas que han denominado como biopiratería<sup>273</sup>.

El término biopiratería fue acuñado por Pat Mooney, el director general del Grupo ETC, en 1993: “...El uso de los sistemas de propiedad intelectual para legitimar la propiedad exclusiva y el control de los recursos biológicos y el conocimiento; sin el reconocimiento, la compensación o la protección de las contribuciones de las comunidades indí-

genas y rurales... por lo tanto la prospección biológica, no puede considerarse otra cosa que biopiratería<sup>274</sup>. En 2005, Silvia Ribeiro, investigadora del Grupo ETC en su capítulo mexicano, recuperó las mismas preocupaciones y críticas hechas al PDGH, pero aplicado al INMEGEN y la construcción del “Mapa Genómico de los Mexicanos”.

La razón para trabajar con las poblaciones indígenas es muy clara... es un poco como el kit de la búsqueda para toda la diferencia genética, ¿verdad? Es el fondo de todo esto, lo que está en el fondo, es como el Proyecto de Diversidad del Genoma Humano, es como los dinosaurios de la búsqueda genética [...] pero lo interesante es la diferencia, porque esto es lo que puede decir si hay o no una asociación a alguna enfermedad, de hecho, en los mestizos, que es como los llaman en México... en la mezcla no se sabe de dónde viene, por lo tanto es más difícil identificar una secuencia genética o una variación determinada, etc. Para eso se necesita buscar un grupo que es más o menos homogéneo desde el punto de vista genético, entonces es más fácil detectar las diferencias. Esa es la razón y no hay otra para integrar a los indígenas, que son puramente puentes de investigación, pero no es porque están interesados en la salud de los pueblos indígenas... siempre han sido enmarcados como objetos y no como sujetos de la investigación.

Silvia Ribeiro y el grupo ETC asumen que el papel del INMEGEN es reproducir proyectos como el PDGH (o su versión popular, el *Genographic*) para orquestar la desposesión de los pueblos indígenas: “ En México las actividades coordinadas por el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) están pendientes, este instituto inició sus actividades con la afirmación de que México era un país de “oportunidades para la industria farmacéutica” debido a

sus “60 grupos étnicos”, pero más tarde cambió el lenguaje para disimular sus intenciones, afirmando que su proyecto se haría con “poblaciones mezcladas”<sup>275</sup>.

La muy notable relación del INMEGEN con las empresas transnacionales, y sobre todo sus vínculos con la Fundación Nacional para la Salud (FUNSALUD), la primera entidad que promocionó y cabildeó en altas esferas políticas la creación del INMEGEN, han sido importantes argumentos para esta postura crítica: “Primero a través de su estrecha relación con la Fundación Mexicana para la Salud (FUNSALUD), la fundación privada que más influencia tiene en la privatización de las políticas de salud en México, de los cuales las corporaciones más grandes del país y varias multinacionales farmacéuticas son socios como: Bayer, Smith Kline-Beecham, Glaxo-Wellcome, Wyeth y Merck “(Ribeiro 2005). En palabras del Dr. Guillermo Soberón, uno de los principales partidarios y operadores políticos del proyecto, presidente emérito de FUNSALUD, la postura crítica del grupo ETC constituye una interpretación errónea de las verdaderas intenciones y el alcance de esta propuesta política y científica:

G.S-Dijo que este era un esquema de los intereses de farmacéuticas internacionales para llevarse la soberanía... de México... para llevarse este conocimiento, y que este era el propósito del Instituto.

E.S-¿Le entraron en esta fase del congreso?

G.S-No, no, no fue hasta más tarde, pero hizo argumentos que no eran válidos... Sí, es cierto que una de las perspectivas de la medicina genómica es el desarrollo de medicamentos, pero bueno lo tomó en ese sentido, y lo mismo... tomamos esta información y cada vez que teníamos el propósito de dar un seminario, nos referimos a estos temas...

E.S-¿También con las empresas transnacionales?

G.S-Sí, sí...<sup>276</sup>

Para el grupo ETC la cuestión de la soberanía no es una cuestión que deba plantearse sólo en el ámbito del Estado-nación, sino que también debe abarcar las asimetrías y desigualdades que las comunidades indígenas y grupos marginados han experimentado por varios siglos en México:

No sé lo que quieren decir con la soberanía genómica, pero evidentemente lo que hay, es un interés, de... grandes corporaciones que han hecho consorcios con centros públicos de investigación de todo el mundo, lo que ha ocurrido en todo el mundo, pero los resultados están privatizados, me contiendo eso, digamos, de esa manera. Mi argumento es que demuestren que esto tiene un beneficio público. Si llaman beneficio público a que la gente vaya a pagar por un nuevo medicamento, bueno eso no es democrático [...] para mí, la conclusión es que México pone los recursos públicos del Estado, los investigadores mexicanos, a pesar de que son repatriados... ¡Los genes son indígenas y los resultados son todos transnacionales<sup>277</sup>.

Junto con el escepticismo sobre la alianza entre los sectores público y privado, y con las tesis de la soberanía genómica en México, surge un discurso crítico que ha hecho visible el inevitable contraste de la crónica desigualdad dentro del país, frente a recurrentes promesas médicas de emancipación y progreso:

...¡Por favor! No había diabéticos indígenas en México. La razón por la que sufren diabetes se debe a que comen pan blanco, porque dejaron de comer sus alimentos tradicionales, y los

alimentos que comen ahora no tienen los nutrientes que necesitan ¿Por qué necesitamos saber si los Huicholes o los Tepehuanos tienen un gen X, que no estaba activo antes?, y lo mismo con la hipertensión... Me refiero a que la hipertensión está asociada con el estrés, los malos hábitos alimentarios, factores ambientales y ritmos excesivos de trabajo<sup>278</sup>.

Es irónico que tanto la investigación safari denunciada por el INMEGEN, como la biopiratería contra la que se oponen los integrantes del grupo ETC, ubiquen al proyecto *Genographic* como el enemigo de los intereses estatales o indígenas. Ambas posturas apelan a su modo a una soberanía local, sin embargo, ambas visiones no podrían estar más alejadas una de la otra. Ocurre que la política de la polarización en torno a estos temas, deja muy poco espacio para que las críticas del ETC sean escuchadas y tomadas en cuenta (ya no para defenderse de ellas) por los actores clave en la toma de decisiones. Es verdad que la situación de las comunidades indígenas toca silencios comprometedores en las propuestas de los empresarios genómicos. Cuando éstos hablan del desarrollo y progreso de la nación, difuminan el hecho de que muchas comunidades indígenas que han sido muestreadas viven, como lo han hecho siempre, en un panorama desolador<sup>279</sup>.

Por su lado, el grupo ETC adopta posiciones públicas de continua sospecha, presenta pocas propuestas realistas y se limita a un activismo francamente estéril, no contribuye con propuestas alternativas de políticas públicas. Las diferencias entre las dos concepciones de soberanía, la de los activistas y la de los científicos, es claro bien podría servir como un espacio de debate crítico para la promoción de una cultura "democrática" en México; se sigue siendo incapaz de incluir voces críticas en el diseño de caminos políticamente negociados.

*La soberanía genómica: ¿Una norma inoperante?*

Entre otras cosas, definir la soberanía involucra un problema de circulación; en ese cariz, la ley funciona al nivel del Estado, su territorio y su capacidad coercitiva para aplicar la ley: en nuestra historia se trata de aceptar o no aceptar permisos de patente, o prohibiendo la circulación de muestras biológicas sin la supervisión de una autoridad. Se trata, sin embargo, de controlar algo que por definición, supera todas sus capacidades de vigilancia; la información genómica. Estos intentos a contrapelo han generado críticas por parte de diversas audiencias.

En una conversación con Juan (investigador y bioeticista de la UNAM, interesado en la investigación genómica) acerca de la operatividad y las consecuencias emergentes de la ley, dijo: “tú sabes que todo esto puede ser nada más que retórica e ideología. Tal vez no es más que un esquema de amigo/enemigo a fin de hablar de un concepto rentable, mientras que se bloquean a los enemigos y ayudan a sus aliados... Sin embargo, estoy de acuerdo con los otros investigadores, se puede hablar de soberanía tecnológica, pero no de soberanía genómica”.

Artemio Bejarano, alto exfuncionario del INMEGEN, que estuvo a cargo del diseño de la ley, mencionó: “...para ser completamente honesto... la intención de la ley era manipular y monopolizar la investigación genómica en el país”. El uso estratégico de la ley como un mecanismo punitivo, es una dimensión de la soberanía genómica que ha sido tan o más controversial que la reificación de la nacionalidad mexicana. El comentario de un investigador anónimo en un *blog*, toca este mismo tema —claro con un lenguaje más colorido:

Con esa jalada de la “Soberanía Genómica” han protegido al GENOMA DE LOS MEXICANOS para que compañías extranjeras no diseñen pruebas para los “Mexicanos”, pero qué más da, si somos similares “en general” los latinos de América, con variaciones de las cuales el INMEGEN quiere sacar ventaja y que no le “COMAN EL MANDADO”. La idea es buena, quien sabe, tal vez, pero mientras, nos han pasado a CHINGAR a los que en verdad queremos hacer investigación y por nuestra situación tercermundista hacemos colaboraciones con investigadores en otros países. Ahora resulta que no podemos sacar aunque sea un tubito con DNA de nuestras muestras, porque nos multan y nos meten al BOTE, asegurando con esto un MONOPOLIO DE LA INVESTIGACIÓN GENÓMICA, ya que quien en este país tiene tal capacidad tecnológica que el INMEGEN tiene!!! Y menos con el costo que tienen las plataformas. A las universidades estatales tanto públicas o privadas nos han atado de pies y manos con éste decreto, y pues claro, no tenemos acceso a tales cantidades de fondos que los INSTITUTOS NACIONALES, principalmente el INMEGEN alegremente derrocha y desvía<sup>280</sup>.

La entrevista con Artemio Bejarano le dio una perspectiva distinta al uso de la ley para proteger el patrimonio genómico de los mexicanos y la situó en un contexto donde efectivamente se pretendía constreñir la investigación que se realizara fuera del INMEGEN. Sin embargo, pienso que las dimensiones coercitivas de la ley en su interés por sancionar la salida de muestras con miras a desarrollar investigación en genómica poblacional como mecanismo de control científico, son bastante limitadas. Ya que sufre del mismo problema: es decir, la multiplicidad y heterogeneidad de la práctica científica y el simplista código binario en la ley. La



confrontación resulta en sanciones inoperantes y contradictorias. Es justamente esta dinámica la que describo en el resto del capítulo.

La aplicabilidad de la ley es una de las dimensiones fundamentales para entender las confrontaciones entre la genómica poblacional y su regulación bajo la lupa de la soberanía. Silvia Ribeiro, representante de la organización no-gubernamental ETC resume su postura crítica frente a la novedosa ley, al rol del INMEGEN y al hecho de que las secuencias sean compartidas por medio del internet para beneficio público de la siguiente manera:

El acceso abierto no garantiza que las secuencias genéticas no sean patentadas, con una modificación mínima... se puede decir que esto es para el beneficio de todos, o que nadie puede monopolizarlo, pero ¿cómo van a controlarlo? o van a tener un departamento especial para revisar las patentes genómicas en todo el mundo, para ver si una pieza de información corresponde con el INMEGEN... en bases de datos de millones de datos, digo la misma pregunta ya te da la respuesta<sup>281</sup>.

Antes de mi estancia en el Centro Ético, Legal y Social (ELSI) del INMEGEN pensaba que las críticas formuladas en contra de la ejecución de la soberanía genómica estaban mal dirigidas; por la sencilla razón de que el ámbito de aplicación de la ley no era el ámbito de la bioinformática<sup>282</sup>. Pero ahora pienso que estas críticas tocan un problema subyacente en la configuración normativa de la genómica poblacional. Básicamente, el problema es la multiplicidad irreducible y la ambivalencia ontológica.

El diseño biopolítico fundado en la soberanía nacional y la protección de un “genoma de los mexicanos” (entendido bajo

la lupa de la normatividad, seguridad y autodeterminación de un Estado-nación) es incapaz de captar la novedad radical de la ciencia genómica. Se ha puesto de moda hablar sobre el genoma humano como patrimonio común de la humanidad, sin embargo, cuando se examina de cerca parece que la doctrina del patrimonio común no captura la complejidad del conocimiento de la genética humana y sus implicaciones:

Los genomas humanos tienen una compleja naturaleza dual. El genoma total de cada persona es único (a menos que sean gemelos monocigóticos), y la información contenida en él es sin duda importante. Sin embargo, cada uno de nosotros comparte partes de nuestro genoma con padres, hermanos y otros familiares. Debido a que ciertas partes de nuestros genomas son idénticos a los genomas de nuestros parientes, la información genética de una persona constituye también información sobre los miembros de la familia. La prueba genética de una persona puede revelar los riesgos de salud para los miembros de la familia y / o información sobre la ancestría a la que pertenecen otros miembros de la familia<sup>283</sup>.

Durante mi estancia en el Centro ELSI, los problemas de la ambivalencia ontológica o la complejidad de la doble naturaleza de la genómica poblacional se presentaron en muchas formas. Por ejemplo cuando se habló en los medios de comunicación sobre la investigación del “genoma chilango”<sup>284</sup>, o al elucidar lo que se constituye como datos primarios o muestras restringidas; con el fin de analizar la armonización de las políticas propuestas por el P3G<sup>285</sup>. Sin embargo, invariablemente, cuando se discute sobre las implicaciones de esta ambivalencia la respuesta fue el efecto boomerang, un código interno que significa no darle voz a te-

mas o preguntas que se pueden tornar dañinos para el instituto. Existe una larga lista de temas bajo el código *efecto boomerang*, entre ellos el tema del patrimonio biológico y la autonomía indígena, las células madre, la clonación, las disparidades de salud, opiniones “de color rojizo” y por supuesto la cuestión de la “singularidad genética de México”.

El centro ELSI del INMEGEN, es en sí una novedad, no hay un área similar en ningún otro instituto nacional de salud en el país. Lamentablemente, después de cinco años de su concepción, sufre de un financiamiento insuficiente y carece de autonomía para profundizar en asuntos éticos, legales y sociales; aun cuando estos sean parte de la agenda oficial. Pero incluso con un mantenimiento tan estricto de los límites de disenso, existe ahí un espacio para la negociación alrededor de los objetos y las relaciones sancionadas en la ley, aunque los resultados no sean accesibles al público.

Para los legisladores, así como para sus asesores científicos, la distinción entre el genoma individual, la persona y el derecho de propiedad —real— sobre su información genética no parece ser un problema en absoluto ni en términos técnicos ni bioéticos. Legalmente, el genoma del individuo es considerado como un elemento íntimo en la composición de la persona y su dignidad humana, mientras que el “genoma de los mexicanos” o “El Mapa del Genoma de los Mexicanos” son tratados como un bien de derecho público<sup>286</sup>. La respuesta del Centro ELSI al artículo 103 bis de la Ley General de Salud —comúnmente llamada la ley para proteger la soberanía genómica— hace referencia explícita a la incompatibilidad de la genómica poblacional y los regímenes tradicionales de propiedad:

En lo que respecta a la “Art. 103 Bis” 1.- El genoma humano y el conocimiento sobre este es patrimonio de la humanidad. El

genoma individual de cada ser humano pertenece a cada individuo”. El contenido de este artículo resulta confuso, puesto que por una cuestión lógica el genoma humano no es patrimonio de la humanidad, debido a que no es una “cosa tangible”. En el sentido anterior, la Declaración Universal sobre el Genoma Humano y los Derechos, aprobada el 11 de noviembre de 1997, ha sido muy precisa al señalar en efecto que el genoma humano, en sentido simbólico, es patrimonio de la humanidad [...] Delimitar que el genoma individual de cada ser humano pertenece a cada individuo resulta muy interesante; puesto que parecería que se permite ejercer un derecho de propiedad sobre el genoma propio.

Al respecto, debemos recordar que en la doctrina jurídica el derecho real de propiedad se traduce en la facultad que se confiere al sujeto de poder disponer de la “cosa” en la que recae el ejercicio de esa propiedad. En este sentido cabría reflexionar si efectivamente se puede usar, disfrutar y disponer del genoma humano; en tanto no es tangible<sup>287</sup>.

La resistencia del objeto protegido —genoma humano— con respecto al principio del derecho de propiedad pone en evidencia la inoperatividad del código binario de la ley: prohibido / permitido; real / simbólico; personal / comunal; nacional/ global o cualquier otra división que no tiene en cuenta el carácter polivalente de eso que aunque es “inmaterial”, ha provocado la creación de leyes, institutos y hasta nuevas nociones políticas:

Podríamos incluso decir que la ley funciona en el imaginario, ya que la ley se imagina, y sólo puede formular todas las cosas que pueden y no deben ser realizadas gracias a que puede imaginarlas. Imagina el negativo. La disciplina funciona en un

ámbito que es, por así decirlo, complementario a la realidad [...] Así que en el espacio de una esfera disciplinaria complementaria a las prescripciones y obligaciones de la ley; se constituye un mecanismo aún más artificial y restrictivo, ya que la naturaleza de la realidad es tenaz y difícil de superar<sup>288</sup>.

El doctor López, genetista, sostuvo en una plática que la información genómica de las poblaciones se podrían intercambiar sin ningún problema en el marco de la ley, ya que la ley no nos dice nada acerca de la información: “... Si lo deseas, puedes desarrollar tus propios marcadores de ancestría (AIM’s) con la información en la página de acceso abierto en la web de la Genómica en México”. El aspecto práctico y sustancial que las distintas nociones de soberanía genómica pasan por alto, es la red internacional de cooperación a través de la cual el “Genoma de los Mexicanos” surgió. Es decir, el proyecto HapMap internacional, el Proyecto Genoma Humano y su accesibilidad a través de la red internacional de acceso abierto, a la que ha contribuido ya, la investigación del INMEGEN<sup>289</sup>.

Pilar Ossorio<sup>290</sup> nos advierte sobre la reificación del ADN a través de uno de los dos linajes principales en la jurisprudencia del patrimonio común: “La Doctrina Patrimonial de Deberes Comunes, inapropiadamente puede cosificar el genoma y atribuir demasiada importancia al ADN humano; como una marca de, o el portador de nuestra humanidad”. El caso de México nos muestra el sentido de esta advertencia. Agregándose un aspecto más (en la reificación), haciendo que lo “mexicano” del genoma, se transforme en un recurso soberano. Esta transformación no solo nos muestra la insuficiencia de conceptos políticos y jurídicos tradicionales para entender y regular la genómica, sino una diferencia ontológica

irreconciliable entre la ontología binaria de la ley y la complejidad inherente a la creación de la genómica poblacional.

En este capítulo he querido contextualizar el espacio político que le ha dado origen y forma al concepto de soberanía genómica. Al arroparlo en una interpretación biopolítica y nacionalista del mestizaje que pretende entenderlo como un fenómeno biológico y patrimonial lo ha cargado de tensiones. En un contexto de presiones socio-políticas hoy por hoy se hacen aún más evidentes las divisiones entre científicos y médicos que hace un quinquenio se habían unido bajo la bandera de una soberanía genómica. El resultado ha sido que dicha noción ha dado una ley inoperante, que trabaja tensada bajo lógicas que poco tienen que ver con la práctica de la genómica poblacional y la compleja producción transnacional de cartografías moleculares.

A pesar de que la caracterización biológica de la soberanía genómica ha sido respaldada por los empresarios de la medicina genómica, cuando se enfrentan a una pregunta directa acerca de las implicaciones nacionalistas de la soberanía genómica, el discurso se transforma. La respuesta a una pregunta hecha por Edna Suárez, investigadora de la UNAM, dirigida al ex Director General del INMEGEN es un excelente ejemplo de esta maleabilidad discursiva:

De 1990 a 2004 tuvimos una historia del Proyecto del Genoma Humano, si una cosa hizo el PGH, fue desacreditar cualquier idea sobre la existencia de la raza, ya que todos compartimos el 99,9% del genoma. [...] Se acababan de estudiar a las poblaciones ancestrales no muy heterogéneas, a las que ahora se integran los mestizos de nuestra población, esto tiene consecuencias antropológicas porque nuestro genoma es la consecuencia de nuestra historia [...] la idea no quiere decir que los

mexicanos tenemos características superiores o inferiores, no es nacionalismo o patriotismo. Es justo decir que somos el primer país en desarrollo capaz de hacer esta secuenciación masiva (transcripción de las notas de campo).

A pesar de los muchos matices discursivos que ha adquirido el concepto de la “singularidad genómica de los mexicanos”, frente a confrontaciones directas contra su exacerbado nacionalismo o su reificación de la nacionalidad en México, los actores políticos que la han postulado prefieren dejar el debate en torno a este tema de lado. Sin embargo, el simple hecho de que exista un *ethos* soberano en un país con la diversidad cultural y profunda desigualdad económica como la que vive México es un asunto que debe ser examinado con detenimiento y cuidado.

### Conclusiones

La progresiva materialización del “Mextizaje” se funda en la reificación genética de la identidad nacional mexicana. A través de la ley y el uso estratégico de esta reificación se ha provocado la creación de una agenda científico legislativa novedosa -tanto a nivel nacional como mundial<sup>291</sup>. Sin embargo, si no existiera un sujeto unitario para reclamar soberanía (el mestizo) y un objeto lo suficientemente definido como para ejercer control sobre el mismo (patrimonio genético de México), podría haber tantas reclamaciones soberanas como posibles agrupaciones genómicas, lo cual resultaría absurdo e inmanejable.

Como alguna vez lo afirmó ante un científico el líder de los tepehuanos durante las jornadas de recolección para la construcción del PDGM “...usted no está buscando el geno-

ma mexicano, sino el genoma tepehuano”<sup>292</sup>. El asunto de las demarcaciones etno-nacionales en México, no existe tan solo al nivel del mestizaje como identidad nacional, sino también en su pluralidad indígena<sup>293</sup>.

Sin embargo, frente a esta pluralidad cultural y étnica, las leyes poco tienen que ofrecer. En un diálogo con el Dr. Gerardo Jiménez-Sánchez (2008) sobre las diferencias entre la protección a comunidades indígenas y comunidades mestizas, me dijo: “... finalmente todos somos mexicanos, y la protección es la misma...”. Las evidentes contradicciones engranadas en la ley y la política pública se han mantenido a través de un régimen de prácticas locales (efecto boomerang, la doctrina del patrimonio común, la cultura del no-debate) incapaces de relacionarse con los retos ontológicos, la naturaleza compleja y múltiple, y las implicaciones políticas de la defensa de un genoma “mexicano”.

Si bien es cierto que el discurso del INMEGEN reactiva nociones comunes ampliamente difundidas del mestizaje y la nacionalidad mexicana, en un campo caracterizado por la probabilidad, el riesgo y la diversidad (cultural y biológica), la soberanía nacional como autodeterminación local y exclusividad no es compatible con el carácter abierto polivalente de la genómica poblacional y su materialidad irreductible. La genómica poblacional cuestiona las suposiciones, códigos y mecanismos bajo los que trabaja la ley del Estado-nación y hasta los mismos fundamentos de la filosofía política liberal.

Como un discurso de construcción nacional, creado y afianzado por los empresarios genómicos, la soberanía genómica ha sido frecuentemente celebrada a través de campañas mediáticas, eventos oficiales y conferencias. Pero como un filtro para entender la genómica poblacional en México y sus promesas médicas, la soberanía y su relación

con el “Mextizaje” nos adentra en un terreno inevitablemente extraño y peligroso; en donde una bio-nacionalidad convive con el discurso neoliberal de apertura global.

En este contexto, los cuestionamientos severos del ETC problematizan la igualación neoliberal entre los genes “raros” de pueblos vulnerables y la posible creación de una nueva economía del conocimiento<sup>294</sup>, pues lo más probable es que no sea de beneficio para esos pueblos indígenas. Estos, antes de tratamientos genómicos, necesitan urgentemente tener agua corriente y atención médica básica.

Como un mecanismo de control la soberanía genómica ha sido mal recibida por distintos grupos científicos que ven en ella la forma en que un grupo intenta monopolizar la investigación genómica en el país, coartando con ello la libertad científica de otros investigadores que se dedican a la genómica y no son parte del INMEGEN. Y son esos científicos genómicos, quienes más duramente critican la noción de una singularidad biológica mexicana. Sin embargo, también de entre ellos salieron quienes más entusiastamente empujaron, durante el proceso de cabildeo, la noción de una soberanía molecular, para apuntalar la idea de los emprendedores genómicos de darle vida al INMEGEN. En su éxito llevaron la penitencia.

La gran diferencia entre el escenario del 2004 de la genómica médica poblacional mexicana respecto al 2010 está signada por la salida de los empresarios genómicos de los cargos públicos que ocuparon y la desactivación de sus *ethos*. El discurso y las promesas de la medicina genómica en tiempos recientes son mucho más moderados de lo que fueron hace cinco años. La regulación y discusión en torno a temas sustantivos sigue ausente. Prueba de ello es que no ha existido aún una discusión abierta entre distintos grupos sociales en torno al sentido y las implicaciones de la soberanía genómica.

---

**CERCA DEL GE(NO)MA MEXICA(NO):  
ENSAYO SOBRE EL VALOR DEL ORIGEN  
Y EL ORIGEN DEL VALOR**

---

FABRIZIO GUERRERO MCMANUS

Permítaseme explicar antes que nada las razones para intitular este ensayo “Cerca del *ge(no)ma mexicana(no)*”. Básicamente he querido jugar con las lecturas que se ofrecen cuando restamos y asociamos esa negación, esa partícula “no”, obteniendo así diversos títulos. Uno de éstos es sobre la *gema mexicana*, ese objeto valioso y brillante que de pronto está asociado con la ancestría de un pueblo. En tanto *gema*, brilla y refleja nuestros orígenes y, en tanto *gema*, es valiosa. Alegoría entonces sobre el saber del origen y, por tanto, sobre el valor del origen, el origen de un pueblo.

También he querido jugar con la identidad nacional en una negación que a la vez nos une y nos separa de ese *ge* y esa *ma*, apócopos de origen, de génesis, y de madre, de la Madre Patria España y de ese origen mexicana que también se niega. México es, al menos en los imaginarios, la resultante que a la vez hereda y niega su reductibilidad ante ese doble origen español e indígena. Ilustración de los orígenes que nos traen un valor simbólico en tanto Nación mestiza y, asociado a lo anterior, que parecen sugerir un valor al conocer el origen, el origen de un valor que resulta de conocer el origen de un pueblo.

He querido por tanto introducir desde el comienzo un juego entre las nociones de *origen del valor* y *valor del origen*. Y sin embargo, el título completo es sobre la *cerca* que enmarca a dicha gema y dicha identidad, una cercanía que también delimita los sentidos y las lecturas que podemos hacer sobre estos dos nodos de lectura: *valor del origen* y *origen del valor*.

Así, he buscado sugerir desde un comienzo que, al hablar sobre el genoma mexicano, estamos lidiando con dos universos discursivos que nos aparecen tácitamente como uno solo gracias, en parte, a la *cerca* discursiva y a las con tensiones que estabilizan lecturas que hacen verosímiles dichas asociaciones.

Hay, por último, una lectura adicional que también me importa que versa sobre el genoma mexicano como una *cerca*, una *cerca* identitaria en la cual lo genómico se vuelve de pronto la etiqueta de pertenencia a una nación. Puede acusarse en este punto de estar leyendo deliberadamente mal, intencionalmente mal, pero justo ése sería el riesgo. El riesgo de leer mal lo que se quiere decir cuando se habla de un genoma mexicano que suena a esencia; al final del día no hay racismo que resulte de una lectura informada.

Por tanto, me preocupa en este ensayo entender, por un lado, cómo se ha venido a juzgar valioso el conocimiento genómico sobre un pueblo o mejor dicho de toda una nación que se concibe como mestiza y, con ello, diferente, radicalmente diferente. Por otro lado habrá de importarme la relación que guarda la pregunta anterior con los imaginarios sobre lo que es esa nación mestiza. Mi hipótesis de lectura es que se han anastomosado dos universos discursivos.

Comenzaré así por la noción de *valor del origen*, esto es, sobre porqué es valioso conocer los orígenes de un pueblo. Sobre esto, Gerardo Jiménez Sánchez ha dicho:

México es un país cuya historia ha contribuido a generar una población de características únicas. Al 14 de febrero del 2000, México tenía un total de 97,483,412, habitantes, lo que le confiere la undécima posición entre las naciones más pobladas del mundo, con una tasa de crecimiento poblacional de cerca del 1.58% anual. La población mexicana, en su mayoría, resulta de la mezcla entre los grupos indígenas mesoamericanos y los españoles. Además, en el territorio mexicano habitan cerca de 60 diferentes grupos étnicos con presencia prácticamente en cada uno de los estados de la República Mexicana.<sup>295</sup>

Hay en esta cita varios elementos de interés. Primero, se postula un origen, un origen mestizo. Somos, nosotros los mexicanos, el resultado de una mezcla, entre los indígenas y los españoles y, además, está el resto de ese todo, los 60 grupos étnicos no mestizos. Segundo, el valor que entraña dicho origen aparece extrañamente asociado con una cifra espectacular, 97,483,412 habitantes. Noventa y siete millones cuatrocientos ochenta y tres mil cuatrocientos doce habitantes únicos y más por venir a una tasa de 1.58% de crecimiento anual en la población.

¿Por qué hablar de unicidad cuando se habla de ancestralidad?, ¿por qué hablar de unicidad cuando se es la undécima nación más poblada del mundo?, ¿por qué hablar de ello y luego comentar la tasa de crecimiento poblacional?

Las razones nos las da el mismo Jiménez Sánchez:

Estas nuevas estrategias prevén grandes beneficios financieros para las compañías farmacéuticas, pues desarrollarán mercados cautivos e identificarán las poblaciones hacia las cuales enfocaron esfuerzos concretos. Además, lograrán reducir los tiempos y costos en las fases II y III de sus ensayos clínicos al conocer las características genómicas de los participantes.<sup>296</sup>

Hemos llegado sorpresivamente a una razón económica para justificar la unicidad vinculada a la inmensidad. Aquellos que inviertan, las compañías farmacéuticas, podrán desarrollar un mercado cautivo y no cualquier mercado cautivo sino un mercado cautivo de noventa y siete millones cuatrocientos ochenta y tres mil cuatrocientos doce habitantes. El undécimo mercado cautivo más poblado del mundo, undécimo y en crecimiento.

El valor del origen radica en que este origen se ha vuelto de pronto la etiqueta de pertenencia a un mercado cautivo. Ese valor es un valor financiero. Un punto que sin embargo Jiménez Sánchez considera conciliable con un esfuerzo médico, como dice en la siguiente cita:

Estudios poblacionales de asociación. Estos estudios tendrán como objetivo la identificación de haplotipos en pacientes mexicanos y su asociación con fenotipos multifactoriales como la respuesta a fármacos. Los resultados de estos estudios contribuirán tanto al conocimiento del genoma de la población mexicana, como a la implementación de sistemas de diagnóstico [sic] que permitan identificar rápida y eficazmente a los pacientes cuya respuesta al fármaco sea exitosa. Esta estrategia contribuirá a identificar mercados dentro de la población mexicana.<sup>297</sup>

Aquí el valor del origen de un pueblo, un pueblo único y por tanto cautivo, se entiende de tal forma que podemos transitar de un origen comunal mestizo a un origen etiológico de enfermedades en el individuo. De un gran mercado cautivo estructurado en más mercados cautivos. Del origen de un pueblo como herramienta valiosa para identificar mercados se ha transitado a una herramienta que detecta las huellas

genealógicas, las herencias, de individuo a individuo al punto de poder diagnosticar enfermedades aún no presentes.

En otro lado, Jiménez Sánchez afirmaba:

Estudios recientes han mostrado cómo los patrones de asociación varían significativamente entre poblaciones. Es por ello que las estrategias de los estudios de asociación se diseñan actualmente basadas en poblaciones, particularmente en los diseños de estudios de casos y controles, en los cuales los participantes, además de ser la misma zona geográfica, comparten factores ambientales.<sup>298</sup>

Curiosamente, a pesar de que esta cita reconoce que se comparte una geografía y, habría que añadir, una historia irreductible a la genealogía, en la cita anteriormente expuesta el énfasis está en los haplotipos y las respuestas ante fármacos. La geografía es una mera excusa que media entre una genómica poblacional y una genómica médica dirigida a entender la etiología de enfermedades. Habría que decir que dicha geografía media mal, puesto que ella misma no implica que se compartan factores ambientales a menos que no se atiende a la escala; quizás todos los mexicanos compartamos una geografía pero ésta es heterogénea, rural y urbana, de costa y de montaña, con hábitos distintos que no permiten hablar de un ambiente común.

Recapitulando, hemos venido a entender, dentro de estas justificaciones para generar un Instituto Nacional de Medicina Genómica, la noción de origen en al menos dos formas radicalmente diferentes. Por un lado, comenzamos hablando del origen como el origen de un pueblo, un pueblo mestizo, un pueblo que resulta de una mezcla entre lo indígena y lo español. Por otro lado, mediados por la geografía, ha-

blamos del origen de las enfermedades y, por otro, del origen, de las respuestas ante los fármacos. Este segundo origen es ya uno etiológico a nivel del individuo.

Son dos nociones de origen distintas. La primera, la que habla de una *mezcla*, es más bien una descripción del origen simbólico de una identidad nacional que se concibe a sí misma como mestiza; el *ge(no)ma mexica(no)* como ese imaginario que une y niega nuestra identidad indígena y española para hablar así del mestizo. Este origen simbólico dista mucho de ser una historia filogeográfica que documente eficazmente la realidad genómica de ese símbolo —el mestizo— que a todos nos arropa. Postularla como tal es reificar lo indígena y lo español como si eso fuera homogéneo y no estructurado. Postularla como tal es presuponer que los noventa y siete millones cuatrocientos ochenta y tres mil cuatrocientos doce habitantes somos únicos porque somos todos iguales.

El otro origen, el etiológico, presupone que reaccionamos distinto a los fármacos o que nos enfermamos de distintas cosas porque poseemos diferentes haplotipos, diferente SNP's —*single nucleotide polymorphisms* por sus siglas en inglés— y, con ello, que en los noventa y siete millones cuatrocientos ochenta y tres mil cuatrocientos doce habitantes hay diferencias pues no todos somos iguales.

La paradoja emerge entonces con toda su fuerza. Atendamos entonces al *valor del origen*. Como hemos visto esto también se ha entendido en diversas formas. Por un lado, el valor de dicho origen consiste en su capacidad de identificar a un pueblo único, un pueblo como mercado cautivo, por otro lado, dentro de una retórica mesiánica y salvacionista, su valor radica en la capacidad de desarrollar estrategias médicas para tratar padecimientos con etiologías autóctonas. Lo califico de mesiánico y salvacionista pues nos propone un nuevo liderazgo tec-

nocientífico en la medicina mexicana —el INMEGEN— que podrá empoderar económicamente a nuestra nación para resistir neocolonialismos post-industriales en los cuales se importan productos pero no infraestructuras, productos que al final, por nuestra unicidad tampoco van a servirnos del todo.

Pero lo segundo anula casi necesariamente a lo primero. Si cada uno de nosotros es un mosaico de diversidad genética, un mosaico si se quiere semejante pero nunca idéntico a los mosaicos de nuestros padres y hermanos, entonces aquello que nos haga enfermarnos o procesar un fármaco de diversas maneras es una diferencia que particiona el mundo entre aquellos que lo poseen y aquellos que no. Sería una afortunada coincidencia si todas esas diferencias fueran autoapomórficas a la población mexicana, esto es, que todos los conjuntos de personas delimitados por ellas fueran subconjuntos de ese gran todo mestizo.

Los mercados en que se subestructura el gran mercado cautivo mestizo pueden por tanto rebasar en alcance al gran mercado cautivo. Algo que Jiménez Sánchez no sólo reconoce sino que incorpora en su aparato de razones para generar al INMEGEN:

En particular, se prevé el desarrollo de programas y proyectos con países de América Latina en los que se identifiquen frecuencias de haplotipos en sus poblaciones. Estos proyectos abrirán grandes oportunidades para el desarrollo de nuevos mercados, particularmente en América Latina ofreciendo un sistema en Español que permita llevar a cabo proyectos de colaboración en poblaciones de esta región de América.<sup>299</sup>

El valor del origen se difumina. El conocer el origen de un pueblo ya no nos garantiza obtener un mercado cautivo, al



contrario, anticipa nuevos mercados, pero al hacer esto muestra la irrelevancia de conocer la genealogía de una nación si lo que se busca es la etiología de un padecimiento.

Salta la pregunta, llegados a este punto, de por qué esta paradoja logró prosperar. La respuesta estará dada, sostengo yo, por el nodo de lectura opuesto: ya no será el valor del origen sino el *origen del valor* el que nos esclarezca qué ha pasado.

¿Por qué es, entonces, valioso un proyecto genómico nacionalista? Porque jamás salimos del espacio simbólico. Porque así como el mestizo es un imaginario que nos une, el genoma mexicano es otro imaginario que incluye / excluye.

La identidad nacional mestiza radica en sabernos hijos de lo indígena sin ser indígenas, en hacer de lo indígena un *otro*, una otredad, en hacer de lo español un ancestro que no nos engloba completamente. Si todo eso sucede, entonces qué mejor forma de generar un mercado cautivo que subjetivando al sujeto en tanto un enfermo en potencia, un *mexicano* enfermo en potencia.

Opera así un doble proceso sobre el sujeto, un sujeto que por un lado, al poseer un SNP o haplotipo específico se piensa enfermo aunque no haya aún, un aún que puede siempre prolongarse, daño o enfermedad o disfunción. El SNP o haplotipo de la diabetes nos hace, aunque no diabéticos, sí consumidores dentro de ese mercado. Consumidores cautivos que no pueden curarse porque aquello está en sus genes. Y si, por otro lado, ese sujeto no sólo se piensa como un diabético en potencia sino como un *mexicano mestizo diabético en potencia*, entonces ¿hay acto más patriótico que salvar la vida salvando a su vez a la nación del colonialismo?

Decía Canguillem que en la modernidad opera una confusión entre la norma y la anomalía, entre el *nomos* latino que dicta una regla, una norma y es, por tanto, un concepto nor-

mativo, y un *omalos* griego que remite, al negársele, al *an-omalos* como lo fracturado, rugoso y heterogéneo, un término que describe sin normar. Hoy hablamos más bien del *omalos* latino, latinoamericano, de esa homogeneidad, unidad y carácter liso de lo latinoamericano que anticipa un mercado en español. E implícito está el *nomos*, el deber ser sobre el sujeto, pero también el *nomos* que se proyecta en los genes.

Los haplotipos vienen a leerse como una prescripción, una futuridad anticipada contra la cual se debe luchar, contra la cual se debe consumir *para siempre* porque el aún-no, el todavía-no, implica un *estar-sano* amenazado, siempre amenazado, por la futuridad anticipatoria de los genes que dictaron sentencia largo tiempo atrás.

Aparece un nuevo sentido en el título, genoma como génesis de la norma, de la norma mexicana, la norma implícita en la gema. En aquello que más vale, nuestra vida. Nunca salimos, entonces, del espacio simbólico cuando dijimos que el origen del valor que encontramos al valorar al origen se explica por la anastomosis de dos universos discursivos, uno nacionalista que nos engloba a todos bajo una identidad, otro mesiánico y salvacionista que nos subjetiva a todos como enfermos en potencia.

Y juntos sí que logran lo que Jiménez Sánchez ofrece, un mercado cautivo único con noventa y siete millones cuatrocientos ochenta y tres mil cuatrocientos doce habitantes únicos y más por venir a una tasa de crecimiento poblacional del 1.58% anual.

Porque finalmente las gemas brillan, valen y reflejan y aquí el movimiento es un movimiento de *especula(riza)ción*. Se especulariza en un sentido cuando se traslada sin chistar una identidad nacional a un discurso genómico que busca corroborar lo que todos ya *sabemos*: que *somos* españoles e

indígenas. Se usa la genómica a modo de espejo para reconstruir imaginarios nacionales.

Se especula también cuando el discurso sobre el riesgo aparece. Primero, al ofrecerles a los inversionistas un mercado cautivo que disminuye el riesgo y articula mercados más finos. Segundo, al patologizar a todo sujeto, por más sano que esté. El riesgo del mercado disminuye cuando se hace inherente el riesgo al sujeto.

Nótese, repito, que eso sólo puede hacerse cuando el origen del valor radica precisamente en subjetivar al mexicano como un tipo de persona genómicamente distinta y única, distinta y única por su historia, y siempre como un enfermo en potencia. El origen del valor del origen, con todas sus ambigüedades, es pues la constitución de un sujeto como un mexicano mestizo único y aún no enfermo; ese tipo de sujeto valorará la norma implícita del genoma contra la cual, se le dice, habrá de lidiar una batalla que en última instancia siempre va a perder, una batalla que heredó de sus ancestros.

En este punto puede acusárseme de estar juzgando muy duramente al proyecto del INMEGEN a partir de las palabras proféticas y anticipatorias con las que Jiménez Sánchez buscó convocar e invocar a los actores nacionales para así conjurar al mismo INMEGEN. Quizás ahora, podría decirseme, con los primeros resultados públicos producidos por este organismo, que los problemas antes señalados ya no son relevantes.

Analicemos esta posibilidad, pero antes recapitemos brevemente algunas de las críticas trazadas con anterioridad. He acusado a Jiménez Sánchez de mistificar a la identidad nacional cuando habla de mestizaje, cuando habla de *El Mestizo* sin tomar en cuenta que esa identidad es un espacio simbólico que esconde una gran cantidad de diferencias. Lo he acusado de postular una suerte de determinismo genéti-

co que desplaza las preocupaciones médicas hacia los genes ignorando completamente cualquier otra posibilidad causal que pudiera estar involucrada en los padecimientos. También lo he acusado de anastomosar dos nociones del origen, el origen etiológico de un padecimiento y el origen histórico de un pueblo. Lo he acusado de inconsecuente al afirmar que somos, nosotros los mexicanos, únicos pero que aun así esa unicidad es exportable a Latinoamérica. Asimismo, he señalado que no se compagina un discurso salvacionista y mesiánico dirigido a proteger y salvaguardar los intereses de los usuarios del sistema médico mexicano con un discurso en términos de las ventajas que traerá ello para los inversionistas en el proyecto del INMEGEN.

Ahora bien, en el muy breve artículo intitulado “Análisis de la diversidad genómica en las poblaciones mestizas mexicanas para desarrollar medicina genómica en México”<sup>300</sup> hay una serie de, si se quiere, enmiendas sobre el discurso que Jiménez Sánchez usase para justificar la creación del INMEGEN. Esto lo reconozco y en los siguientes párrafos trataré de mostrar algunas de estas enmiendas.

Por un lado, deja de hablarse del mestizo como un objeto de conocimiento homogéneo y se reconoce que no ha habido un mestizaje sino muchos mestizajes. De igual manera el imaginario que construye a México, en tanto nación, como la suma de lo europeo y lo indígena se ve modificada al reconocer el importante elemento africano en nuestras poblaciones. Ello se ve, por ejemplo, en la siguiente cita:

Durante el período pre-hispánico, eran más numerosos los grupos étnicos que vivían en el centro y sur de México y contaban con una cohesión política, religiosa y social más sólida que los grupos étnicos de la región del norte. Entre 1545 y

1548 se trajeron esclavos negros a la región después del notable descenso de la población amerindia causada por las epidemias. Desde entonces, los procesos de mestizaje en regiones geográficamente distantes se han visto afectadas por diferentes condiciones demográficas e históricas que han modelado la estructura genómica de los mexicanos.<sup>301</sup>

De igual manera, el discurso sobre la unicidad genómica del mestizo mexicano es mitigado y las razones por las cuales esta investigación puede ser provechosa son presentadas en un tenor más bien pragmático que reconoce la escasez de recursos financieros en los países latinoamericanos —México incluido— y, con ello, la importancia de desarrollar estrategias de análisis sobre las posibles bases genéticas de los padecimientos y de las respuestas a diversos fármacos de tal suerte que se maximice su eficiencia y se disminuyan sus costos. Ya no es, entonces, un México conformado por una unicidad donde los productos desarrollados para otras poblaciones vayan a ser infructíferos sino que el empleo mismo de esas poblaciones para modelar posibles padecimientos en México será mucho más caro que si se realiza tomando muestras propias de la población mexicana. En la siguiente cita se ilustra dicho punto:

Este análisis se realizó utilizando diferentes combinaciones de poblaciones mexicanas y HapMap para evaluar los beneficios potenciales de un mapa mexicano de haplotipos. La variación genética común en los mexicanos se cubre de manera efectiva (96%) únicamente cuando se utilizan los datos combinados de todas las poblaciones HapMap, de acuerdo con hallazgos previos para poblaciones latinas (12). Esto sugiere que la selección de los SNPs marca o “tag” utilizando sólo información Hap-

Map, daría lugar a costos más elevados en estudios de asociación en población mexicana derivados de una sobre-genotipificación. Una indicación de que el mapa de haplotipos para mexicanos podría ser útil para la selección de SNPs marca o “tag” es que el uso de cualquier combinación de dos subpoblaciones mexicanas como referencia logra una mejor cobertura que el uso de la combinación de todas las poblaciones HapMap. Estos resultados apoyan el hecho de que un mapa de haplotipos que describa en forma integral la variabilidad genética común y los patrones LD en mexicanos es factible y útil... Sin embargo, parece posible generar conjuntos óptimos de SNPs marca para mexicanos, para mejorar la eficiencia en la captura de señales de asociación en estudios de región y/o gen, y contribuir así a reducir costos sin comprometer la cobertura. Esto es crítico en México y otros países de América Latina en los cuales el financiamiento para investigación a menudo es limitado.

Estos dos puntos, la plena aceptación de que el mestizo es una abstracción que esconde un sinnúmero de diferencias y las razones pragmáticas que están vinculadas con la falta de recursos en Latinoamérica, se intersecan en este nuevo texto al señalar que lo primero, la multiplicidad de orígenes cuando se habla de mestizajes, puede precisamente encarecer a la genómica médica y que es por eso que sería necesario hacer un mapa de la diversidad genómica de México. En la siguiente cita se observa lo anterior:

En poblaciones sin una representación completa en el HapMap (11), como es el caso de los Latinos, existen limitaciones para la eficiente evaluación de la diversidad genética mediante estrategias de captura (tagging), debido a la necesidad de emplear un mayor número de marcadores para poder obtener un poder esta-

dístico relativo similar al que se logra en asiáticos y europeos (I2), y al desconocimiento acerca de los patrones de desequilibrio de ligamiento (LD, por sus siglas en inglés) específicos de estas poblaciones (I3). Adicionalmente, en los GWAS los resultados falsos positivos por efecto de la estructura poblacional son minimizados al excluir a individuos con diferencias ancestrales (7). Lo anterior no es práctico en estudios en latinos, como los mexicanos, si se considera que el 80% de la población está constituida por mestizos, los cuales presentan notables diferencias individuales en constituciones ancestrales (2).<sup>303</sup>

Igualmente en este texto dejamos de encontrar apologías mercadológicas que busquen justificar la creación del INMEGEN. No se habla explícitamente de ningún beneficio para los inversionistas ni de mercados cautivos que puedan ser colonizados.

A pesar de que El mestizo ha dejado de ser una abstracción homogeneizante, detectamos la continuación de otra figura igualmente perniciosa: El latino. El omalos latinoamericano que le criticaba a Jiménez Sánchez sigue plenamente presente.

Junto a esta identidad simbólica que, por un lado, crea un nosotros ante los otros —los otros que son los blancos, los asiáticos y los negros africanos—, hay también, por otro lado, la continuación de una tónica salvacionista y mesiánica que, tras haber identificado a un nosotros-ante-los-otros se presenta a sí misma no únicamente como una solución pragmática ante un problema médico y social, sino como una necesidad que reivindica y empodera, que hace del INMEGEN algo laudable, no sólo científicamente sino moralmente; hay pues, por llamarlo de alguna manera, un nacionalismo o regionalismo que está enmarcando a estos resultados y que les da también una justificación que excede la dimensión biomédica.

Esto en sí mismo no es necesariamente execrable y no pretendo que se le tome como tal. El riesgo no es que estemos descubriendo que los científicos posean axiologías que rebasen los objetivos de sus investigaciones, esto es, que sus objetivos no sean coextensos y reducibles ante los objetivos de la investigación misma. Descubrir eso sería redescubrir América en el año 2010. El riesgo principal es que dichos imaginarios estén in-formando la investigación en una u otra manera. En el caso del artículo previamente discutido de Jiménez Sánchez veíamos que era el discurso sobre el origen del valor lo que in-formaba la relevancia del discurso sobre el valor del origen.

La figura del latino, si bien parece empoderarnos como región ante los otros que no lo son, favorece cierto expansionismo tanto tecnocientífico como económico que permite exportar, e incluso tácitamente igualar, lo mexicano con lo latinoamericano. El artículo que estamos ahora discutiendo concluye con el siguiente párrafo:

Con objeto de cubrir en forma integral la variabilidad genética común y describir mejor la estructura genómica de los mexicanos, estamos aumentando la densidad de SNPs a 1.5 millones por genoma, para lo cual se está utilizando una combinación de plataformas de microarreglos. Aquí presentamos uno de los primeros conjuntos de datos de genoma completo para poblaciones mexicanas mestizas y amerindias. Este esfuerzo contribuirá al diseño de mejores estrategias encaminadas a caracterizar y comprender mejor los factores genéticos subyacentes a las enfermedades comunes complejas de los mexicanos. Además, esta información incrementará nuestro conocimiento sobre la variabilidad genómica de las poblaciones de América Latina. La infraestructura científica y tecnológica derivada de este proyecto favorecerá el desarrollo de la medicina genómica en México y América Latina.<sup>304</sup>

Esta desmesurada conclusión, a mi entender, reproduce un movimiento que el artículo buscaba evitar: generar identidades abstractas que se reifican y reemplazan la riqueza de lo que buscan nombrar. Pensar que un conocimiento válido sobre las poblaciones mexicanas implica un conocimiento válido sobre las poblaciones latinoamericanas es un pronunciamiento que sólo es legítimo cuando se le piensa desde la lógica y la teoría de conjuntos; en efecto, somos un subconjunto y en ese sentido lo anterior es el caso, pero la extrapolabilidad de las técnicas, los resultados y las problemáticas requerirían pensar que los procesos de mestizaje al interior de América Latina fueron más o menos similares, punto que no encuentra apoyo en el texto.

Paradójicamente, ello apunta a que no nos hemos librado del todo de esa lógica de mercado que estaba presente en el artículo de Jiménez Sánchez. “México, Inc.: Colonizando Latinoamérica” podría ser el nuevo eslogan de este proyecto. Este movimiento biocapitalista, como ha señalado el antropólogo Kaushik Sunder Rajan (quien además acuñó el término), concibe a los Estados-naciones como grandes corporativos que no se conforman de ciudadanos unidos en un contrato social sino de *sujetos de consumo*.

Sujetos de consumo en un doble sentido. Por un lado, sujetos que consumen, que son pues un mercado y todo lo que eso implica. Por otro lado, sujetos de consumo en tanto sujetos que son consumidos como productos o mercancías, sujetos que dejan de ser miembros del Estado y que el Estado se “vende” a sí mismo para utilizarlos en la elaboración de productos biomédicos, fármacos o terapias génicas a modo de ejemplo, que permiten el desarrollo de mercancías para los sujetos de consumo en el primer sentido.

Quiero ilustrar esos dos sentidos por medio de dos citas. Primera cita:

Nuestro estudio es uno de los primeros esfuerzos de genotipificación de genoma completo realizado en América Latina que pondrá a disposición del público estos datos. Este proyecto contribuirá al desarrollo de la medicina genómica tanto en México como en el resto de Latinoamérica.<sup>305</sup>

Hemos estado hablando de sujetos de consumo en el primer sentido. Los sujetos son “el público” al que se dirigen los datos. Esos datos van a beneficiarlos gracias al desarrollo de la genómica médica.

Segunda cita:

Analizamos datos de 300 sujetos *autodefinidos mestizos* no relacionados de 6 estados localizados en regiones geográficamente distantes de México. Estas regiones incluyeron Sonora (Son.) y Zacatecas (Zac.) en el norte, Guanajuato (Gto.) en el Centro, Guerrero (Gro.) en el Centro-Pacífico, Veracruz (Ver.) en la región Centro-Golfo, y Yucatán (Yuc.) en el Sureste (Fig. 1).<sup>306</sup>

Aquí vemos el segundo sentido de sujeto. El sujeto que el Estado emplea para la elaboración del producto. Un sujeto, curiosamente, “autodefinido como mestizo”. Se reintroduce nuevamente la identidad de *El Mestizo* y se nos dice que es auto-adscrito. Esa auto-adscripción esconde la historia que movilizó la figura misma del mestizo, la historia que homogeneizó diferencias gracias a ese “ge(no)ma” común que ~~sabemos~~ es la ~~suma~~ suma de lo español, indígena y africano.

Como ha señalado Pascacio Montijo (en este libro) habría que preguntarse porqué las clases relevantes en la investigación genómica médica pasan por las identidades raciales o regionales cuando podrían construirse lo que ella denomina “clases relevantes”, esto es, agrupaciones de su-

jetos en función de elementos concretos, p. ej: un padecimiento ya diagnosticado, una reacción alérgica ante ciertos fármacos, etc.

Sostengo que si esto pasa es por el uso retórico que se le sigue dando a la figura del mestizo y, ahora, del latino como grandes igualadores de esas diferencias. Si la ciencia genómica mexicana es exportable a Latinoamérica es porque las diferencias previamente descritas por los genomicistas mismos son borradas. Esto es, se hace de todo latinoamericano un potencial sujeto de consumo en el primer sentido, al conceptualizar al mestizo mexicano como un sujeto de consumo y en el segundo sentido que, pese a sus enormes diferencias, es proyectable al grueso de los latinoamericanos.

De esta manera, el artículo de 2009, en su sección introductoria al detallar sus motivaciones, todavía es bastante cercano al texto de 2002 de Jiménez Sánchez ya que sigue fundando el valor del origen en un origen del valor. Reproduzco esa sección a continuación:

Más de 560 millones de personas viven en los países de Latinoamérica y la Oficina de Censos de los Estados Unidos, estimó en 2007 que la población latina en este país había alcanzado un total de 45.5 millones, posicionándola como el grupo minoritario más grande y de crecimiento más acelerado en los Estados Unidos. Al igual que otras poblaciones latinas, los mestizos mexicanos constituyen una población mestiza de reciente formación conformada principalmente por orígenes ancestrales amerindio y europeos, y en menor proporción africano. Aunque el tamaño y la diversidad de las poblaciones latinas plantean diversos y serios desafíos para los estudios genéticos (1), también representan un poderoso recurso para el análisis de las bases genéticas de enfermedades complejas (2). En los

últimos cinco años, México se ha comprometido a desarrollar infraestructura humana y tecnológica para la genómica como parte del desarrollo de una plataforma nacional de medicina genómica para mejorar la atención de la salud de la población Mexicana (3-6). Esta situación en conjunto con el hecho de que México tiene una población de 105 millones de habitantes que incluye más de 60 grupos amerindios y una historia compleja de mestizaje, convierten a México en un país ideal en dónde realizar análisis genómicos en enfermedades complejas.<sup>307</sup>

Así, quinientos sesenta millones de personas más otros cuarenta y cinco millones y medio son, nuevamente, la unidad vinculada a la inmensidad. Son, nuevamente y gracias a un movimiento simbólico, un gran mercado en potencia, un mercado que puede consumirse a sí mismo y que *debe consumirse a sí mismo* antes de que otros lo consuman.

Y nótese que hasta aquí dejé sin abordar los posibles problemas que puede originar el discurso raci(AL)ista y sus imbricaciones con lo que he dicho sobre el origen del valor del origen.

Quiero concluir así señalando cuál fue la naturaleza del problema imputado. Éste radica en una individualidad que se divide para encontrar al todo. Un todo que se fragmenta en su historicidad. Una historia que *da cuenta del valor* del origen. Una *cuenta que valora* el origen de la historia. Un valor que cuenta. Una cuenta que es valor, es *divisa*. Y como *divisa* es color, distintivo, signo, enseña y emblema.

El color... el color indivisible del todo, el indivisible color de todo. Lo distintivo de la historia, de la historia individual y de *nuestra* individual historia. Repitiendo, el color indivisible del todo *mestizo*, moreno, cobrizo, ¿caso diremos cósmico?; el indivisible color de todo, la racialización omnipresente de la *mezcla*; lo distintivo de la historia, y qué historia,

la historia individual, la historia indivisible, *dividida*, *coloreada*, *historiada*, *fragmentada* y *nombrada*, *contada*, *valorada* y así, de nuevo, la *divisa*. La *divisa* de *nuestra* individual historia más este ‘nuestro’, quién es... ¿el nuestro del color indivisible o el nuestro del indivisible color?

El distintivo... lo distinto, lo *des-tinto*, *desteñido*. Lo que no pinta. El signo de estar *desteñido*, el síntoma de ser distinto, la anticipación de *aquello* distintivo. Todo eso no pinta, no nos va. Todo eso se pinta, se tiñe, y ¿de qué se tiñe? ¡Pues de color! Repitiendo, lo distinto y la diferencia atómica, *digital*, de una letra en lo *des-tinto*, el SNP que enferma y mata, el SNP hecho huella digital, el SNP como signo de estar *desteñido*, como síntoma de ser distinto y como anticipación de *aquello* distintivo. Anticipación *teñida* de aquello distinto, *desteñido*. Anastomosis de futuros y pasados, implosión con *lo otro*, sin color. Implosión de un color que guía e indica un futuro gracias al rojizo tono del pasado blanco y cobrizo, con atisbos de negro. Implosión del color indivisible, *cobrizo*, nunca jamás *desteñido*.

El signo... el signo que *enseña*, *enseña* que es bandera, *pendón* y *estandarte* pero también *guía*. La *enseña*, la *enseña* que *signa* por la patria, *señalando*. Y, ¿*qué señala*?, la *guía*, el camino, el sendero. Repitiendo, el signo que *enseña*, *enseña* que es bandera, *sinécdoque* de patria. Un genoma ¡MEXICANO! La *enseña* que *signa* por la patria *señalando* el sendero, la *genómica* de México. Y, ¿*qué señala*?, el camino, claro está. La industria, el mercado, las posibilidades del capital y la presencia, *nuestra* presencia más allá de nosotros. Pero también, volviendo a repetir, el signo que *enseña*, *enseña* que es bandera, el gene y la frontera, la frontera de *uno mismo*, y la idea de *aquello* del padre que *signa* *señalando*. Y, ¿*qué señala*?, el sendero. El camino del *designio* con sus retro-

versiones prospectivas, con la herencia de los padres, los presagios del mañana; en suma, la presencia de otros en nosotros. Patria, Identidad y Determinismo.

La *enseña*... la *enseña* que es *emblema*. La *enseña emblemática* —figurada y, sin embargo, representativa— de un Estados Unidos Mexicanos. Nombre curioso el de nuestra patria, un Estados Unidos *mexicano*. ¿*Se atisba aquí un oxímoron*?, si hubiera un Estados Unidos *mexicano*, ¿qué fue entonces de ese todo de color indivisible?, ¿qué fue entonces de ese signo distintivo que es *emblema*?, ¿qué fue entonces de ese gene y su frontera?. La *enseña emblemática* es la *emblemática enseñanza*, *transpuesta*. Y, ¿no es el transponer un movimiento de traslado, reubicación y reasentamiento?

Mas qué hacer, a modo de ejemplo, con el traslado, reubicación y reasentamiento cuando la indivisible individualidad de un Estados Unidos Mexicanos se divide y transpone originando un Estados Unidos *mexicano*. ¿Cómo entonces prometer, *citando*, *citando* por un lado a Jiménez Sánchez, cuando éste afirma que “México es un país cuya historia ha contribuido a generar una población de características únicas”<sup>308</sup>; ¿cómo prometer siquiera esa *unicidad*? ¿Cómo prometerla cuando, *citando* también al mismo Jiménez Sánchez<sup>309</sup>, éste sostiene que será posible una expansión del proyecto mexicano hacia América Latina para así generar un mercado *en español*? México ha sido, y pretende serlo, la *enseña* que es *emblema* de Latinoamérica; el INMEGEN busca ser parte de esa *proyección*.

SECCIÓN III

---

**CLASIFICAR, CAUSAR,  
RACIALIZAR**

---



---

**LAS CATEGORÍAS RACIALES EN EL MUNDO  
Y SUS IMPLICACIONES PARA NUEVOS PROYECTOS  
EN MÉXICO**

---

CARLOS GALINDO

*Introducción. El concepto de “raza” humana.*

Desde 1948 el Consejo Económico y Social de las Naciones Unidas encomendó a la UNESCO adoptar un programa de diseminación de datos científicos con el propósito de erradicar los prejuicios raciales. Para cumplir con esta encomienda, la Conferencia General de este organismo resolvió coordinar estudios y recolectar materiales científicos concernientes a cuestiones raciales. Así se incluyó en el programa de la UNESCO (1950) una declaración sobre la noción de raza aplicada a los seres humanos. En la declaración se señala que los prejuicios raciales causan incontables conflictos, afectando directamente millones de vidas humanas. Según este organismo internacional, la ignorancia generalizada y la gran confusión existente respecto a la noción de raza son las fuentes donde se originan tales prejuicios. Para combatir la ignorancia generalizada, la declaración incluye una clarificación del consenso científico de aquellos años sobre la noción de raza, lograda gracias al trabajo conjunto de expertos en áreas tales como psicología,

biología y antropología cultural. Para combatir la confusión respecto a la noción de raza, la UNESCO señala explícitamente: “El hecho biológico de las razas y el mito de ‘raza’ deben distinguirse. Para todo propósito social, ‘raza’ no es tanto un fenómeno biológico como sí es un mito social. El mito de ‘raza’ ha creado enormes daños sociales y humanos. En años recientes ha cobrado una onerosa cuota en vidas humanas y ha causado sufrimientos indecibles. Las diferencias biológicas entre los grupos étnicos deben dejarse de lado desde el punto de vista de la aceptación y la acción social”<sup>310</sup>.

En cuanto a la definición de raza, la UNESCO detalla el consenso científico de los años cincuenta. Desde entonces, se enfatiza la importancia de los genes para distinguir poblaciones humanas, especialmente la frecuencia con que se presenta uno o más genes en distintas poblaciones.

En breve, el término ‘raza’ designa a grupos o poblaciones caracterizadas por algunas concentraciones, relativas a la frecuencia y distribución, de partículas hereditarias (genes) o de características físicas, que aparecen, fluctúan y a menudo desaparecen en el curso del tiempo debido al aislamiento geográfico o cultural. Las varias manifestaciones de estos rasgos hereditarios en diferentes poblaciones son percibidas de forma distinta por cada grupo. Lo que es percibido es en gran parte preconcebido, por lo que cada grupo tiende arbitrariamente a malinterpretar la variabilidad existente como diferencias fundamentales que separan a ese grupo de otros<sup>311</sup>.

La definición anterior, que si bien tiene limitaciones, también incluye elementos objetivos que le permitieron a la UNESCO denunciar confusiones comunes respecto a mitos raciales. Este organismo señala que la mayoría de las perso-

nas dan un uso muy poco preciso a la noción de raza, por lo que muchos grupos poblacionales han sido denominados como razas cuando obviamente no lo son. “Grupos nacionales, religiosos, geográficos, lingüísticos y culturales no coinciden necesariamente con grupos raciales, y los rasgos culturales de tales grupos no tienen conexión demostrable con rasgos raciales. Debido a que habitualmente se cometen serios errores de este tipo cuando se usa el término ‘raza’ en el habla popular, es mejor abandonar el término ‘raza’ por completo y en su lugar referirse a grupos étnicos”<sup>312</sup>.

En las últimas décadas la investigación genética ha revelado que no existe ninguna forma sencilla de definir las razas humanas: “La variación genética permanece alta incluso entre pequeños grupos poblacionales... Las diferencias continentales representan aproximadamente 1/10 de la diversidad molecular humana, lo que no sugiere que la subdivisión racial de nuestra especie refleje ninguna discontinuidad importante en nuestro genoma”<sup>313</sup>. “Más de 80% de la variación genética ocurre entre individuos de la misma población, incluso en poblaciones pequeñas o aisladas. La mayor parte de la variación genética antecede a la migración de los humanos modernos fuera de África. La posibilidad de que la historia humana haya sido caracterizada por grupos genéticos relativamente homogéneos (razas), distinguibles por importantes diferencias biológicas, no es consistente con la evidencia genética”<sup>314</sup>.

Existen, por supuesto, investigadores que defienden el concepto de raza como una noción válida o informativa<sup>315</sup>; sin embargo, ningún investigador ha sido capaz de publicar una categoría racial de aplicación general y universalmente aceptada. En la Enciclopedia del Comportamiento y las Ciencias Sociales, Barbujani<sup>316</sup> explica:

Agrupar individuos en toscas categorías basadas en su morfología puede ser útil para algunos propósitos prácticos. En países con recientes niveles altos de inmigración, diferentes grupos pueden tener distintos riesgos epidemiológicos. A pesar de las bajas varianzas genéticas entre continentes, discutidas hasta ahora, el asociar riesgos diferentes a grupos distintos, y algunas veces mal definidos (*e.g.*, ‘Hispanos’), puede simplificar el trabajo clínico... A pesar de estos ejemplos, los estudios genéticos han demostrado que los humanos no caen claramente dentro pocos grupos raciales bien diferenciados. Cualquier población difiere de sus vecinos en varios rasgos genéticos y, con tamaños de muestra escogidos en cierta forma, estas diferencias pueden alcanzar significancia estadística. No obstante, si la existencia de al menos una diferencia genética significativa fuera el criterio para definir razas, cada aldea estaría ocupada por una raza diferente (p. 12699).

A pesar de las recomendaciones de la UNESCO hechas medio siglo atrás, y de los descubrimientos de las investigaciones genéticas, los gobiernos de varios países continúan fomentando la ignorancia y la confusión de las personas publicando cifras oficiales de grupos raciales y mestizos. En estas cifras se confunden supuestas razas con grupos nacionales, políticos, étnicos, lingüísticos y culturales. “Los sistemas nacionales de esquemas de división y clasificación parecen estar más relacionados con la historia política que con la ascendencia o divisiones culturales”<sup>317</sup>. De este modo, en varios países se perpetúa la ignorancia y los mitos raciales, asociando características culturales a supuestas categorías de razas humanas. En México no utilizamos ninguna clasificación racial de forma oficial pero existen algunas iniciativas que pueden aumentar la confusión existente sobre este tema.

En el presente capítulo se analizan las categorías raciales de diversos países en sus censos de población. Las clasificaciones censales son un buen ejemplo de las confusiones permitidas, si no es que fomentadas, por los gobiernos de varios países. En principio, las clasificaciones censales son oficiales, es decir, están sancionadas legalmente y son utilizadas por las instituciones gubernamentales. Además permiten conocer la racionalidad detrás de su uso, toda vez que la información censal incluye definiciones de las categorías raciales y justificaciones de su uso. Los países considerados, con información censal de la ronda del año 2000, son: Brasil, Canadá, Colombia, Costa Rica, Ecuador, Sudáfrica, Reino Unido y los Estados Unidos (en el anexo se presenta un cuadro con las categorías raciales de cada país). La fuente de información para todos los países es el proyecto *Integrated Public Use Microdata Series International*<sup>318</sup>, en el cual se recolectan datos y documentos de las oficinas nacionales de estadística de diversos países. Al revisar las definiciones y comparar entre países se observa que las categorías raciales carecen de consistencia, congruencia y comparabilidad. En este sentido, algunas oficinas nacionales de estadística perpetúan la ignorancia, las confusiones y los mitos acerca de las razas humanas. En el presente trabajo se cuestiona la objetividad de las clasificaciones raciales, esperando que estos cuestionamientos motiven reflexiones éticas.

En años muy recientes, en México han surgido algunas iniciativas que tienen cierta relación con nociones raciales. No necesariamente son iniciativas destinadas a crear clasificaciones raciales pero debe cuidarse el rumbo que sigan estas propuestas. En el campo de la información censal y categorías oficiales de la población, han surgido algunas propuestas para crear clasificaciones oficiales basadas en

rasgos raciales. Particularmente, en algunos talleres destinados a la planeación del Censo de Población y Vivienda 2010 diversos grupos propusieron la inclusión de la categoría de “afro-mexicanos”. En el campo de la investigación científica, se ha comenzado con el análisis del llamado “genoma mestizo”. Los estudios genómicos, en general, presentan justificaciones y objetivos diversos, y no necesariamente se enfocan a clasificaciones raciales. Sin embargo, en el caso mexicano sí se ha hecho énfasis en genomas “continentales” y “mestizos”. Estas propuestas seguramente son bienintencionadas pero debe cuidarse, en todo momento, que sus efectos no aumenten la confusión en nuestro país con respecto a nociones raciales.

### *Categorías raciales en Brasil*

En el censo brasileño del año 2000 se preguntó a las personas: “¿Cuál es su color o raza?” Según las instrucciones para los encuestadores, esta pregunta se realiza con el objetivo de “comprender la composición de la población brasileña según su color o raza, mediante la actualizaciones de los patrones de distribución y evolución étnica”.

Las opciones de respuesta incluyen las siguientes cinco categorías: “blanco, negro, pardo, amarillo e indígena”. En las instrucciones se intenta definir estas categorías pero las definiciones resultan notablemente circulares. Por ejemplo, se señala que la etiqueta “blanco” debe usarse para “personas que se clasifican a sí mismas como blancos”. La definición de “negro” es similar. La etiqueta de “amarillo” confunde además orígenes nacionales con tres ejemplos: “de origen japonés, chino y coreano”. La etiqueta “indígena” se

corresponde a “personas que se clasifican a sí mismos como indígenas o que declaran que son indios”. Finalmente, la etiqueta “pardo” se usa para “personas que se clasifican a sí mismos como pardos, o se declaran mulatos, caboclo, cafuzo, mameluco o mestizo”. Las instrucciones no especifican la definición de cada uno de los términos anteriores pero son conceptos presentes en el imaginario cultural brasileño. La noción de pardo se asocia con el color café, por mulato se entiende una mezcla de blanco y negro, caboclo es una mezcla de blanco y amarillo, cafuzo de negro con indígena, mameluco es la mezcla de blanco e indígena y mestizo hace referencia a la noción de sangre mezclada.

En una primera impresión, parecería que las categorías raciales en Brasil son objetivas y corresponden a razas humanas bien establecidas. No obstante, al revisar las instrucciones resalta la incapacidad de proveer definiciones objetivas (no circulares). Además, estas definiciones promueven confusiones entre características fenotípicas y orígenes nacionales y culturales.

### *Categorías raciales en Canadá*

En el censo canadiense del año 2001 se captó, mediante dos preguntas, una variable llamada “indicador visible de minorías”. Como justificación se señala que esta variable: “apoya programas que promueven la igualdad de oportunidades para que todos puedan disfrutar de la vida social, cultural y económica de Canadá”.

Una primera pregunta se utiliza para captar grupos indígenas: “¿Esta persona es un aborigen, esto es, un indio norteamericanos, Métis o Inuit (esquimal)?” Es importante señalar que

“Métis” es un vocablo francés que significa literalmente “persona de raza mezclada”. El grupo poblacional llamado Métis en Canadá recibe ese nombre porque se supone que sus integrantes descienden de mujeres indígenas y colonos franceses. Es decir, este grupo étnico cae bajo la noción general de mestizo, sin embargo es considerado como una etnia “aborigen”. En este sentido, la noción de mestizo en Canadá es completamente diferente a las nociones de otros países, donde los mestizos no son considerados como grupos indígenas o “aborígenes”.

Una segunda pregunta se relaciona directamente con categorías raciales: “¿Esta persona es...?”. Las opciones de respuesta son: “blanco, chino, asiático del sur (indio oriental, pakistaní, sri lankense, etc.), negro, filipino, latinoamericano, asiático del sureste (camboyano, indonesio, laosiano, vietnamita, etc.), árabe, asiático occidental (afgano, iraní), japonés, coreano, otro”. En esta gama de respuestas no existe una categoría específica para los mestizos.

Las opciones de respuesta a esta última pregunta confunden la noción de raza con grupos nacionales, regionales y culturales. La pregunta es independiente del lugar de nacimiento de las personas. En este sentido, cuando alguien responde que es chino no significa que haya nacido en aquel país, incluso la persona puede ser canadiense por nacimiento. De este modo, la redacción de esta pregunta otorga un fuerte sentido de inmutabilidad a grupos nacionales confundiendo con grupos raciales. No es una cuestión sobre cómo se consideran las personas o donde ubican el origen genealógico de sus familias, sino que las personas “son” blancas o chinas sin importar donde nacieron.

Un detalle interesante, que se repite en otros países, consiste en tener una categoría única para “blancos” pero subdivisiones de orígenes asiáticos y de medio oriente.

### *Categorías raciales en Colombia*

En el censo de Colombia del año 2005 se recolectó la variable “identidad étnica”. La redacción de la pregunta confunde dos nociones: “De acuerdo con su cultura, grupo o características físicas, la persona se conoce como...” Es importante notar que la redacción de esta pregunta no se refiere a realidades inmutables sino a percepciones sociales (no pregunta si las personas “son algo” sino que “se conocen como algo”).

Las opciones de respuesta son: “indígena, rom, raizal del archipiélago de San Andrés y Providencia, palenquero de San Basilio”. Cabe señalar que el grupo rom se supone que desciende de gitanos emigrados a Colombia; el grupo raizal se compone de personas conocidas como afrocaribeñas, y el grupo palenquero se supone que desciende de esclavos africanos.

Además de estas opciones de respuesta, existe otra reservada para una única noción racial: “negro, mulato, afro-colombiano o de ascendencia africana”. Llama la atención que los “mulatos” se agrupan en la misma categoría que las personas consideradas como negras. Además resalta que la noción opuesta (supuesta raza blanca), no se incluye como opción de respuesta.

### *Categorías raciales en Costa Rica*

En el censo del año 2000 en Costa Rica se captó la variable “raza”. La justificación fue “identificar los principales grupos étnicos del país, lo cual permitirá conocer la composición étnica de su población y la situación demográfica y social de sus miembros”. A pesar de que el nombre de la variable indica específicamente que se captan razas huma-

nas, la pregunta se refiere a culturas: “¿Pertenece esta persona a alguna de las siguientes culturas?”

Las opciones de respuesta también confunden nociones raciales y culturales: “indígenas, afro-costarricense o negro, asiático (chino) y ninguno de los anteriores”. Es importante observar que no existen categorías para las nociones de blancos ni mestizos. En este sentido, la redacción de la pregunta junto con las opciones de respuesta pueden dar lugar a confusiones terribles, toda vez que implican que las personas con diferentes características físicas, por ejemplo negros y asiáticos, no pueden compartir una misma cultura. También es relevante observar la falta de congruencia entre el objetivo de la variable, la redacción de la pregunta y las opciones de respuesta. Por ejemplo, las categorías de “indígena” o “asiático” no incluyen subdivisiones que efectivamente permitan conocer la composición étnica de la población.

### *Categorías raciales en Ecuador*

En Ecuador el censo del año 2001 incluyó la variable “raza o etnicidad”. La justificación para esta variable señala que “la Nueva Constitución establece el reconocimiento de las Naciones Indígenas y pueblos. Por esta razón es necesario identificar a cuáles grupos pertenecen las personas”. La pregunta utilizada para captar esta variable es introspectiva “¿Cómo se considera: indígena, negro (afro-ecuatoriano), mestizo, mulato, blanco u otro?”

A pesar de que la pregunta específicamente indaga sobre cómo se considera la persona, las instrucciones para los encuestadores se basan únicamente en nociones raciales. Por ejemplo, en estas instrucciones se señala que una persona ne-

gra “es un individuo con piel negra u oscura y que tiene un origen o algunas características afro-ecuatorianas.” Las personas blancas “proviene de la raza europea o caucásica”. Los indígenas son “nativos del país”. Finalmente, se consideran dos tipos de personas de raza mezclada, un mestizo es “un individuo nacido de madre y padre de razas diferentes” y un mulato “es un individuo nacido de un hombre negro y una mujer blanca o viceversa”. Por lo tanto, la pregunta indaga cómo se consideran a sí mismas las personas pero el encuestador debe clasificar a las personas según nociones raciales.

### *Categorías raciales en Sudáfrica*

En el censo del año 2001 en Sudáfrica se incluyó la variable “raza/etnicidad”. La pregunta utilizada es notoriamente introspectiva: “¿Cómo se describiría a sí misma esta persona en términos de grupo poblacional?”. En las instrucciones para los encuestadores se señala que el grupo poblacional es una identificación por elección y no debe pensarse como una definición oficial. Los encuestadores fueron específicamente instruidos a aceptar cualquier respuesta dada, incluso si no estaban de acuerdo con ella.

Las opciones de respuesta son: “negro africano, de color, indio o asiático, blanco, otro”. En las instrucciones para los encuestadores no vienen las descripciones de cada categoría pero las etiquetas coinciden con categorías oficiales tradicionales del antiguo sistema *Apartheid* en Sudáfrica. La clasificación “de color” corresponde a personas que supuestamente son de raza mezclada. En el censo de 2007 se repitió esta pregunta junto con las mismas instrucciones, el único cambio fue que desapareció la categoría de “otro”.

### Categorías raciales en el Reino Unido

En el censo del año 2001 del Reino Unido se incluyó la variable “grupo étnico para Inglaterra y Gales, con agrupación mejorada”. La pregunta fue: “¿Cuál es su grupo étnico? Escoja una sección y marque la opción apropiada para indicar su origen cultural”.

Las opciones de respuesta vienen agrupadas en cinco grandes secciones: “blanco, mezclado, asiático o asiático británico, negro o negro británico, chino u otro grupo”. Cada una de estas secciones incluye diversas opciones. Es interesante señalar que, de todos los censos revisados, éste es el único que incorpora subdivisiones para el grupo blanco. Las subdivisiones blancas son: “británico, irlandés, cualquier otro origen blanco”. Las opciones para negros son “caribeños, africanos, cualquier otro origen negro”. También cabe señalar que éste es el único de los países revisados que separa a los chinos de la categoría general de “asiáticos”. De hecho, la única etiqueta incluida en la sección de “chino u otro grupo étnico” es la de chino. Mientras que en la sección de “asiáticos u asiáticos británicos” se incluyen las etiquetas de “indio, pakistani, bangladeshi, cualquier otro origen asiático”.

Finalmente, en la sección para las personas de supuesta raza mezclada se incluyen diversas categorías para mezclas de blancos con otras secciones. Las etiquetas son: “blanco con negro caribeño, blanco con negro africano, blanco con asiático, cualquier otro origen mezclado”.

La redacción de esta pregunta y las opciones de respuesta confunden nociones de raza, grupos culturales y orígenes nacionales y regionales. Por otra parte, llama la atención el énfasis puesto en las opciones de mestizaje de las personas “blancas” con distintos tipos de personas “negras”.

### Categorías raciales en los Estados Unidos

Los censos de los Estados Unidos ofrecen mayores posibilidades de análisis porque sus datos y documentación técnica se encuentran plenamente disponibles en la red. En estos documentos, la oficina encargada del censo da una definición de raza notablemente circular: “El concepto de raza como se usa por el Buró del Censo refleja la auto-identificación de las personas de acuerdo a la raza o razas con las que se identifica de manera más cercana. Estas categorías son construcciones socio-políticas y no deben interpretarse como de naturaleza científica o antropológica. Aún más, las categorías de raza incluyen tanto estratos raciales como grupos de orígenes nacionales” (itálicas añadidas.)<sup>319</sup>

En el censo del año 2000 se incluyeron tres variables relacionadas con nociones raciales y grupos étnicos: “ascendencia, origen hispano, raza”. Las preguntas utilizadas para captar estas variables son directas y, por su fraseo y falta de instrucciones claras, parecen referirse a nociones supuestamente objetivas. La primera pregunta es: “¿Cuál es la ascendencia u origen étnico de esta persona?” La respuesta es abierta, es decir, quien responde puede anotar cualquier opción. La segunda pregunta es: “¿Esta persona es hispana?” La respuesta incluye varias opciones: “no es de origen hispano, mexicano, portorriqueño, cubano, otro origen hispano”.

Finalmente, la pregunta sobre raza es: “¿Cuál es la raza de esta persona? Marque una o más razas para indicar lo que la persona considera que es”. Las opciones de respuesta incluyen diversas categorías donde se confunden nociones raciales con orígenes nacionales: “blanco, asiático indio, nativo hawaiano, negro o afro-americano, chino, guamaniano o chamorro, indio americano o nativo de Alaska, fili-

pino, samoano, japonés, otro isleño del Pacífico, coreano, vietnamita, otro asiático, alguna otra raza”. Es importante notar que se permitió marcar varias opciones de respuesta para indicar que la persona es de raza mezclada. También es relevante considerar la redacción de la pregunta, ya que implica una pertenencia inmutable a algún grupo racial, aunque la pregunta también se suaviza al aclarar que la pertenencia a la categoría racial depende de lo que consideran las personas. Así, la pregunta confunde la noción de “ser” parte de una raza, con lo que considera cada persona y con la definición incluida en su documentación técnica, donde se señala que las categorías son construcciones socio-políticas (y por ende, cambiantes).

Gracias a la disponibilidad de los documentos técnicos se pueden conocer discusiones internas relacionadas con la noción de raza. En los documentos resalta el esfuerzo que realiza esta oficina por encontrar definiciones precisas, sin embargo, las definiciones resultan siempre circulares y las categorías vagas y confusas. Por ejemplo, se indica que los árabes son blancos por definición: “incluye personas que indicaron su raza o razas como blancos o escribieron entradas tales como irlandés, alemán, italiano, libanés, medio-oriental, árabe o polaco” (Grieco y Cassidy, 2001, p. 2).

Los datos disponibles en los Estados Unidos permiten analizar cómo se percibe la composición racial en ese país (ver cuadro 1). Del total de población, 97.6% se considera de raza pura (marcó una opción racial), mientras que 2.4% se considera mestizo (marcó dos o más razas). Entre aquellos que se perciben como raza pura, 77% se cataloga como blanco, 12.6% se percibe como negro, 3.7% como asiático y menos de 1% isleño del Pacífico. Resalta en el cuadro 1 que el Buró del Censo, para fines de presentación de la informa-

ción, agrupó los orígenes nacionales en categorías regionales/raciales (asiáticos e isleños del Pacífico). También llama la atención que 5.6% de la población no se identificó con ninguna de las 14 opciones de respuesta (alguna otra raza).

**Cuadro 1. Distribución de las personas que se perciben como pertenecientes a más de una categoría racial en Estados Unidos, 2000**

Categorías raciales en E. U.	Montos de población	%	%	%
<b>Población total</b>	<b>281,421,906</b>	<b>100</b>		
<b>Una raza</b>	<b>274,595,687</b>	97.6		<b>100</b>
Blanco	211,460,626			77.0
Negro o afro-americano	34,658,190			12.6
Indio americano o nativo de Alaska	2,475,956			0.9
Asiático	10,242,998			3.7
Nativo Hawaiano u otro isleño del Pacífico	398,835			0.1
Alguna otra raza	15,359,073			5.6
<b>Dos o más razas (mestizos)</b>	<b>6,826,228</b>	2.4		<b>100</b>
<b>Dos razas</b>	<b>6,368,075</b>		93.3	<b>100</b>
Blanco; Negro o afro-americano	784,764			12.3
Blanco; Indio americano o nativo de Alaska	1,082,683			17.0
Blanco; Asiático	868,395			13.6
Blanco; Nativo Hawaiano u otro isleño del Pacífico	112,964			1.8
Blanco; alguna otra raza	2,206,251			34.6
Negro o afro-americano; Indio americano o nativo de Alaska	182,492			2.9
Negro o afro-americano; Asiático	106,782			1.7
Negro o afro-americano; Nativo Hawaiano u otro isleño del Pacífico	29,876			0.5
Negro o afro-americano; alguna otra raza	417,246			6.6
Indio americano o nativo de Alaska; Asiático	52,429			0.8
Indio americano o nativo de Alaska; Nativo Hawaiano u otro isleño del Pacífico	7,328			0.1
Indio americano o nativo de Alaska; alguna otra raza	93,842			1.5
Asiático; Nativo Hawaiano u otro isleño del Pacífico	138,802			2.2
Asiático; alguna otra raza	249,108			3.9
Nativo Hawaiano u otro isleño del Pacífico; alguna otra raza	35,108			0.6
<b>Tres o más razas</b>	<b>458,153</b>		6.7	

FUENTE: U.S. Census Bureau, Censo 2000, Archivo resumen 1, Matrices P3 y P4

Del grupo de personas que se consideran mestizos, 93.3% marcaron una combinación de únicamente dos razas, mientras que 6.7% marcaron tres o más razas. Los datos públicos permiten analizar las combinaciones raciales de aquellos que



marcaron dos opciones raciales. En este subgrupo resalta que la combinación más frecuente es la mezcla de blanco con una raza distinta a las categorías censales (alguna otra raza). Esto es muy interesante porque el censo ofrece una amplia variedad de opciones raciales (14 categorías) pero la mayoría de los mestizos no se identifica con ninguna de esas opciones.

Otra forma de observar la falta de identificación de las personas con las opciones de respuesta del censo consiste en agrupar a las personas que marcaron dos razas según una sola de sus opciones raciales, formando subgrupos traslapados o superpuestos. Así tenemos que la gran mayoría de mestizos cuenta entre sus orígenes a la raza blanca (79.4%) pero la siguiente proporción corresponde a quienes creen descender de una raza distinta a las categorías censales (alguna otra raza; 47.1%).

El Buró del Censo publicó análisis detallados de las personas que marcaron varias categorías raciales<sup>320</sup>. En estos análisis se observa que las personas de raza mezclada se concentran geográficamente en pocos lugares. Aunque una interpretación más adecuada de estos datos es que la declaración de no ser de raza “pura” ocurre en pocos lugares geográficos. Los cuatro estados que sobresalen, tanto por el número absoluto de mestizos declarados como por la proporción que éstos representan de su población total, fueron California, Hawai, Nueva York y Washington. En cambio, los estados donde menos personas se declaran como mestizas son Alabama, Maine, Misisipi, Carolina del Sur y Virginia del Oeste.

Al revisar los datos por condados, resulta que son los condados metropolitanos donde mayores proporciones de personas se declaran mestizas. Especialmente resaltan corredores metropolitanos, como el que va de Washington, D.C. a Boston, Massachusetts. En cambio, los condados con muy

baja declaración de mestizos son rurales y se encuentran en los estados sureños de Misisipi, Alabama, Georgia, Carolina del Sur, Tennessee, Kentucky y Virginia del Oeste. Así, podría pensarse que la declaración de dos o más razas puede estar relacionada con factores históricos que promovieron o, en su caso, impidieron relaciones maritales entre personas con características físicas diferentes (por ejemplo, altas tasas migratorias o antiguas leyes segregacionistas). No obstante, otra interpretación que parece más adecuada es que, la propensión a considerarse de raza pura o mezclada está relacionada con factores socioculturales, tales como niveles educativos (por ejemplo, en los condados metropolitanos versus condados rurales) o con la existencia de grupos de odio y de presión social (por ejemplo, en los condados sureños).

Otro resultado interesante en estos análisis, consiste en que las personas que se declaran de origen hispano son más propensas a declararse también como mestizas<sup>321</sup>. La noción de “origen hispano”, según el Buró del Censo, corresponde a “personas de origen cubano, mexicano, portorriqueño, sur o centroamericano, u otra cultura española, sin importar su raza”. Esta definición es también vaga y confusa pero, evidentemente, tiene la intención de captar a los inmigrantes latinoamericanos y sus descendientes (sería interesante observar, por ejemplo, si los migrantes provenientes de España se consideran de origen hispano). De acuerdo con los datos censales, una de cada tres personas que marcaron dos o más razas también se declaró como hispana. Cerca de 6% de los hispanos se declararon de raza mezclada, mientras que esta proporción fue de sólo 2% entre los “no hispanos”. Este resultado concuerda con las percepciones de los habitantes de varios países de Latinoamérica, por ejemplo, en Ecuador, 77% de su población se declara como mestiza.

Finalmente, las personas que se declaran mestizas son más propensas a ser menores de 18 años<sup>322</sup>. Esto es, de los 6.8 millones de personas que marcaron dos o más razas, 42% tenían menos de 18 años. En cambio, de los 274.6 millones que marcaron una sola raza, sólo 25% eran menores de 18. Entre las personas que se consideran de origen hispano se mantiene esta relación. Estas relaciones indican que los jóvenes son menos propensos a pensarse como personas de raza pura, en comparación con las personas mayores de 18 años. Desgraciadamente, los autores de estos análisis no hicieron los cruces de datos que nos permitirían observar claramente este fenómeno (por ejemplo, la proporción de jóvenes que se declara de raza mezclada *versus* la proporción correspondiente de adultos, así como cruces y cortes de datos involucrando factores geográficos y socioculturales). No obstante, estos análisis señalan que existe una mayor propensión a considerarse mestizo en los Estados Unidos en condados metropolitanos, entre personas provenientes o con ancestros en Latinoamérica y entre personas jóvenes. En sentido contrario, existe una mayor propensión a considerarse de raza pura en condados rurales y entre personas mayores de edad. De este modo, pareciera que la propensión a pensarse de raza pura o mestiza pudiera estar más relacionada con factores como niveles educativos que con características biológicas o genéticas.

### *Implicaciones para México*

Los conceptos de “raza” y “ascendencia” son nociones vagas y confusas, dependientes de apreciaciones subjetivas en diferentes momentos en el tiempo<sup>323</sup>. Como hemos visto en las secciones anteriores, no existen definiciones ni clasi-

ficaciones raciales universalmente aceptadas. Ni siquiera ocurre que dos países compartan una misma clasificación, cada país utiliza sus propios imaginarios para definir categorías raciales muy particulares. A primera vista, dentro de cada país, pareciera que las categorías raciales usadas oficialmente son objetivas y se sustentan en definiciones bien establecidas. Sin embargo, al revisar y comparar las definiciones y categorías utilizadas saltan a la vista la ignorancia y confusiones que los mismos gobiernos tienen y difunden al respecto.

En todos los países las definiciones son circulares y no se hace mención alguna a resultados biológicos, genéticos ni antropológicos. Sólo en los Estados Unidos se advierte que las categorías raciales son construcciones socio-políticas y no deben interpretarse como de naturaleza científica. En general, las preguntas y opciones de respuesta fomentan confusiones entre nociones raciales, orígenes nacionales y grupos culturales o étnicos.

Las preguntas que se utilizan para captar las categorías raciales también son variadas y confusas. Algunas preguntas parecen referirse a realidades biológicas, objetivas e inmutables. Tal es el caso de las preguntas en Brasil y los Estados Unidos, donde se indaga directamente por el color o la raza de las personas. En otros países la pregunta hace alusión a una percepción social. Esto ocurre en los cuestionarios de Colombia, Ecuador y Sudáfrica, donde se pregunta cómo se considera, se conoce o se describe a las personas. Otras preguntas se refieren a grupos étnicos o pertenencia cultural. En el Reino Unido se pregunta por la pertenencia a algún grupo étnico. Sin embargo, las preguntas que se refieren exclusivamente a cuestiones culturales también pueden prestarse a confusiones y prejuicios. Por ejemplo, en

Costa Rica se pregunta si las personas pertenecen a una determinada cultura pero las opciones de respuesta incluyen las etiquetas indígena, negro y asiático, dando a entender que las personas con características físicas diferentes no pueden compartir una misma cultura.

Además, es común que las categorías raciales confundan características físicas con orígenes nacionales. Por ejemplo, países como Canadá y los Estados Unidos las clases raciales incluyen dos colores (blanco y negro), junto con orígenes nacionales (japonés, coreano, vietnamita, etc.) y regionales (latinoamericano, asiático occidental, otro asiático), junto con pertenencia cultural (como indio norteamericano, Métis, Inuit, nativo de Alaska, etcétera).

La noción de “mestizo” también varía en cada país. En Brasil se destina la categoría “pardo” para personas de supuesta raza mezclada. Mientras que en Colombia y Costa Rica no se tienen ninguna categoría con este fin. De hecho, en Colombia se especifica que los mulatos deben considerarse como “negros”. En otros países se usan varias etiquetas para señalar supuestas mezclas raciales. Por ejemplo, en Ecuador se tienen categorías separadas para mestizos y mulatos, y en Reino Unido se tienen diversas opciones para la mezcla de blancos con otros grupos, pero no existen opciones para las mezclas de negros con asiáticos, por ejemplo. En los Estados Unidos se permite que las personas marquen varias categorías raciales para indicar que son de raza mezclada; pero los datos de respuesta indican que la propensión a declararse como mestizo puede estar relacionada con factores socioculturales.

En casi todos los países se justifica el uso de categorías raciales por la necesidad de comprender la composición étnica o cultural de la población. Por sí mismo, este tipo de

justificación fomenta la ignorancia y confusión de las personas al asociar diferencias culturales con diferencias raciales. Además, las clases raciales de “indígena” o “asiático” no resultan útiles para resolver necesidades de poblaciones diversas; entre otras razones porque, a menudo ocurre que diversos grupos indígenas o “asiáticos”, dentro de un mismo país, utilizan distintos idiomas y tienen necesidades diferentes. En otro capítulo del presente libro, Yuriditzi Pascacio explica que una clasificación relevante responde a intereses definidos en un contexto dado. Por ejemplo, si se desea atender problemas de pobreza, las clases relevantes no son “blancos”, “negros” o “indígenas”, sino que son “pobres” y “no pobres”. Pero en las justificaciones oficiales para el uso de clases raciales no se explica claramente cuáles son los intereses atendidos, al contrario, da la impresión que se buscan justificaciones diversas para mantener en uso supuestas clases naturales (las razas).

En México no se realiza ninguna pregunta relacionada con la raza o el color de las personas. No obstante, el censo sí incluye una variable que arroja información sobre pertenencia a algún grupo étnico. Se pregunta a todas las personas mayores si hablan algún dialecto indígena, en caso de que la respuesta sea afirmativa, se pregunta de forma abierta (sin categorías o etiquetas de respuesta). La pregunta se acompaña de otra que indaga sobre el habla de lengua española, para diferencias indígenas bilingües y monolingües. Así, la composición étnica del país se capta mediante el lenguaje o dialecto que hablan las personas (en conjunto con otra información como conformación de hogares y ubicación geográfica). Las respuestas de las personas son codificadas en alrededor de 60 categorías (dialectos) para todo el país. Esta información es relevante en términos de compo-

sición cultural del país, toda vez que la lengua hablada es un indicador que puede asociarse con otros usos culturales. Es interesante notar que la pregunta no sólo brinda un panorama sobre la composición étnica del país, sino que también provee datos sobre los cuales se puede satisfacer necesidades de la población. Por ejemplo, con estos datos la Secretaría de Educación Pública decide en cuales localidades es necesario contar con libros de texto bilingües.

La composición étnica en México no se refiere, entonces, a distintos colores de piel ni supuestas razas humanas. Las divisiones poblacionales se conciben como diferencias culturales, específicamente, diferentes lenguajes conviviendo dentro de un mismo territorio. En este sentido, aunque exista en México un imaginario cultural e histórico sobre las razas y mestizaje, no existe ninguna clasificación oficial sobre grupos raciales o mestizos. Desde el censo de 1895 se utiliza la pregunta sobre idioma habitual y no se indaga ninguna información sobre razas humanas. De hecho, la prohibición legal del uso de categorías raciales fue resultado directo de la Guerra de Independencia, esto con el objetivo de evitar discriminación y segregación racial. En todo caso, la solución mexicana, para captar composición étnica y multiculturalismo, resulta más práctica e informativa que las categorías raciales; además cumple mejor con objetivos tales como ayudar al reconocimiento de grupos indígenas (por ejemplo, ayuda a la edición de libros de texto en distintas lenguas indígenas, proyecto que resultaría imposible de realizar si únicamente contáramos con la categoría “indígena”).

En este sentido, es importante cuestionar si estas nuevas propuestas para clasificar a la población mexicana serán útiles e informativas. Además, es importante cuidar que estas nuevas propuestas no fomenten la ignorancia y confu-

sión existente sobre nociones raciales. Actualmente en México algunos grupos han propuesto crear una categoría censal para afro-mexicanos. Para evaluar la pertinencia de esta propuesta es necesario considerar, entre otras cosas, que abre la puerta a problemas no resueltos en ningún país. Por ejemplo, será necesario discutir y acordar a nivel nacional definiciones raciales para “negros” y “mulatos”. Y será muy importante educar a la población que tales definiciones y categorías obedecen a cuestiones sociopolíticas y no tienen sustento científico.

Además, habrá que discutir la utilidad de implementar categorías raciales. Por ejemplo, para atender problemas de pobreza no es necesario indagar el color de la piel de las personas, o su identificación racial. En sentido contrario, catalogar oficialmente localidades como “afro-mexicanas” podría dar lugar a discriminación o segregación (mayor a la que ya pueda existir). Algunas veces se afirma que con esta información se busca “el reconocimiento por parte del gobierno”, pero no se aclara qué es lo que se va a reconocer. Si la localidad es pobre, está marginada o no cuenta con servicios básicos, el gobierno debe reconocer y atender estos problemas pero la información para lograr este reconocimiento no proviene del color de piel. Retomando la idea de clases relevantes ¿si existen clasificaciones más adecuadas para captar marginación y pobreza, cuáles intereses serán atendidos al captar datos sobre el color de piel de las personas? Es necesario analizar si en otros países ha servido catalogar a grupos poblacionales como “afro-descendientes” para reducir los problemas que pudieran aquejarlos. Si finalmente se decide adoptar este tipo de categorías, será muy importante hacerlo de forma que no se produzcan nuevas confusiones sobre cuestiones raciales en México.

Por otra parte, también se ha iniciado en México el análisis del llamado “genoma mestizo”. En un futuro, este tipo de investigaciones pueden arrojar resultados útiles, como avances en medicina. Aunque, al día de hoy, la medicina genómica es más una promesa que una realidad. En otro capítulo del presente libro, Alfonso Arroyo menciona algunas situaciones problemáticas que aún debe superar la medicina genómica para poder cumplir con sus promesas.

Acorde con su estatus de promesa aún no consumada, la primera publicación sobre el análisis del “genoma mestizo” no trata sobre temas de salud, sino que presenta un especial énfasis en las categorías raciales<sup>324</sup>. Por principio, denominar a las poblaciones mexicanas como “mestizas” refiere directamente a nociones raciales. En este sentido, llama la atención que la clasificación de “mestizo” dentro de este análisis no responde a ningún resultado genético, sino que simplemente obedece a la percepción de las personas: “Analizamos datos de 300 sujetos *autodefinidos* mestizos no relacionados de 6 estados localizados en regiones geográficamente distantes de México” (itálicas añadidas, p. 2). En otro capítulo del presente libro Vivette García discute tres definiciones de mestizaje que subyacen, y compiten, dentro del análisis del “genoma mestizo”: la definición operativa, la discreta y la continua. Esta autora nos señala ambigüedades y confusiones que pueden surgir cuando se intenta emparar distintas definiciones de mestizaje.

También llama la atención que, buena parte del análisis publicado sobre el “genoma mestizo” consiste en la evaluación de la “composición ancestral” de los mexicanos, comparados contra una única población “ancestral” amerindia y otras poblaciones “ancestrales” del proyecto HapMap. Aunque no se mencionan directamente, las poblaciones consi-

deradas como “ancestrales” aluden a categorías raciales supuestamente puras [europeos = raza blanca; yorubas (africanos) = raza negra; chinos y japoneses = raza amarilla; zapotecas (amerindios) = raza de algún color americano como café o rojo]. Cómo se escogieron estas poblaciones y cómo se diseñó su muestreo son temas cuestionables cuya discusión, por limitaciones de espacio, no tiene cabida en el presente trabajo. Únicamente cabe señalar que esta particular clasificación racial no está exenta de problemas y el diseño muestral del HapMap dista mucho de ser representativo de la diversidad humana.

En la publicación sobre el genoma mestizo se enfatiza un resultado: “Estos resultados apoyan la presencia de una considerable heterogeneidad genética entre las subpoblaciones mestizas mexicanas de regiones geográficamente distantes de México, y sugiere que las diferencias observadas se asocian con una distribución diferencial de los componentes ancestrales, en particular amerindio (AMI) y europeo (EUR)”<sup>325</sup>. Es decir, se enfatiza el resultado que concuerda con el imaginario tradicional mexicano de categorías raciales (tres supuestos grupos homogéneos de blancos, indios y mestizos). No obstante, en este mismo artículo se atenúan otros resultados que revelan la complejidad genética de la población mexicana. Por ejemplo: “Resulta interesante, que las muestras de la región sureste (YUC) muestran la menor contribución de las diferencias de componentes ancestrales continentales a la distancia genética global. Los mestizos de Yucatán constituyen el único grupo en nuestra muestra cuya contribución amerindia es principalmente maya... Este resultado sugiere que parte de la diversidad genética observada en estos mestizos se asocia a contribuciones amerindias diferenciales” (p. 6). Fren-

te a este resultado, llama la atención que los autores del artículo no cuestionen la validez de intentar representar la diversidad genética de los pueblos originarios de México mediante un único grupo zapoteca.

En otras palabras, si el análisis parece indicar que existen diferencias genéticas significativas entre mayas y zapotecas, resulta válido cuestionar la supuesta representatividad que los autores les atribuyen. Seguramente otros grupos geográficamente alejados, como los yaquis o huicholes, también presentarán diferencias importantes. Para tener una mínima idea de la diversidad genética de los pueblos originarios de México, y de sus marcadores privados, se debería diseñar una muestra que contemplara, al menos, grupos de las 25 regiones definidas mediante lenguas indígenas por la Comisión Nacional para el Desarrollo de Pueblos Indígenas. En otro capítulo del presente libro Yuriditzi Pascacio discute el imaginario construido sobre un único grupo zapoteca dentro del proyecto del “genoma mestizo” y lo contrasta con otras posibles clasificaciones de “indígenas puros”. Al señalar que existen 64 variantes lingüísticas del zapoteco, ubicadas en distintas regiones geográficas, esta autora se pregunta si realmente existe una clase única de zapoteco y si esta clase es relevante para los análisis de medicina genómica. La conclusión de Pascacio es que este supuesto grupo zapoteco, con su homogénea pureza genética, sólo existe en el muestreo del proyecto del “genoma mestizo”.

Frente a tales problemáticas se antoja chocante que, lejos de cuestionarse, los investigadores del “genoma mestizo” sugieran que sus resultados puedan ayudar a la genotipificación de toda Latinoamérica (simplemente evitan considerar que, si los mayas son genéticamente lejanos a

los zapotecas, seguramente los incas serán aún más lejanos). En otro capítulo del presente libro, Fabrizio Guerrero discute la racionalidad detrás del uso de imaginarios tales como “mestizo” y “latino” en el proyecto del “genoma mestizo”. En la exposición de este autor se advierte que la defensa y uso de estos imaginarios responden, más que a razones científicas, a argumentos relacionados con la excepcionalidad y magnitud del mercado de consumidores latinoamericanos.

Por último, en el artículo publicado sobre el “genoma mestizo”, incluso se pasan por alto algunos resultados que hacen evidentes las deficiencias de las clasificaciones utilizadas. En una gráfica del artículo se muestran los resultados de la evaluación de la “composición ancestral”<sup>326</sup>. En esta gráfica se observa que el grupo “ancestral” europeo tiene un pequeño porcentaje de ascendencia zapoteca (alrededor de 4%). Esto no quiere decir que los europeos más puros tengan algún bisabuelo zapoteca. Lo que este resultado indica es que la selección de marcadores privados, en poblaciones consideradas puras, no es un proceso preciso ni objetivo. En última instancia, este extraño resultado nos indica que las categorías “ancestrales” también deben ser cuestionadas.

Debido a las consideraciones anteriores, las iniciativas en México que se relacionen con clasificaciones raciales deben ser analizadas cuidadosamente. Es importante especificar con claridad la justificación y los fines de tales clasificaciones, esto con el fin de evaluar si el uso de categorías raciales es la mejor solución a los problemas que desean atenderse. Particularmente, debe cuidarse que estas iniciativas no promuevan ignorancia y confusiones con respecto a nociones raciales.

Anexo

Categorías raciales en los censos de población de diversos países								
Brasil	Canadá	Colombia	Costa Rica	Ecuador	Sudáfrica	Reino Unido		Estados Unidos (USA)
Blanco	Blanco			Blanco	Blanco	Blanco	Británico Irlandés Otro blanco	Blanco
Negro	Negro	Negro	Negro	Negro	Negro	Negro	Caribeño Africano Otro negro	Negro
Amarillo	Chino Asiático del sur Filipino Asiático suroriental Asiático occidental Japonés Coreano		Asiático		Indoasian	Asiático	Indio Pakistani Bangladeshi Otro asiático	Asiático Indio Chino Japonés Coreano Vietnamita
Indígena	Indio norteamericano Métis (mestizo) Inuit (Esquimal)	Indígena (diversos grupos)	Indígena	Indígena				Indio americano o nativo de Alaska
	Latinoamericano							Mexicano Puertorriqueño Cubano Otro hispano
	Árabe							
								Samoano Guamaniano Nativo Hawaiano
Pardo				Mestizo Mulato	Coulored	Mestizo (mixed)	Blanco y negro caribeño Blanco y negro africano Blanco y asiático Otro mestizo	(opción de marcar dos o más razas)
	Otros	Ninguno de los anteriores	Ninguno de los anteriores	Otros	Otros			Alguna otra raza

FUENTE: IPUMS (2010)

¿LA REIFICACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA?  
UNA HISTORIA DE DOS MÉTODOS MATEMÁTICOS

RASMUS GRØNFELDT WINTHER

Introducción

Dos métodos matemáticos yacen en el corazón de las clasificaciones genéticas de los grupos humanos: partición de la diversidad (*diversity partitioning*) y análisis de agrupamientos (*clustering analysis*). En lo que sigue discutiré los elementos básicos de cada uno haciendo ver que éstos son dos lados de una misma moneda matemática. Ambos son metodologías legítimas y consistentes. No pueden ser puestas en duda en tanto prácticas basadas en la teoría de la probabilidad y en la modelación estadística. Ésta es la parte propositiva.

Sin embargo, ninguna de estas metodologías implica necesariamente algo específico con respecto a la realidad de estos grupos. Esto en dos sentidos. Primero, afirmaciones sobre la robustez (o no robustez) de los grupos dependen de elecciones convencionales basadas en presuposiciones sobre, por ejemplo, cuánta distancia genética se requiere en promedio entre dichos grupos para que éstos sean genuinamente diferentes y tengan un estatus óntico. Éstas eleccio-

nes conciernen cómo interpretar los resultados de los modelos (e.g., los valores reales del estadístico F). Diferentes elecciones conllevan diferentes resultados. Segundo, los datos que fungen como insumos de los modelos no están carentes de sesgos ni son teóricamente neutrales. Por ejemplo, datos lingüísticos, arqueológicos y antropológicos son usados para (pre)definir grupos humanos. Más allá de esto, puede que hayan sesgos (¿visuales?, ¿subconscientes?) según los cuales fenotipos de grupos particulares sean muestreados para genotipificación. Diferentes insumos conllevan a diferentes particiones de la diversidad de los grupos y a la asignación de individuos particulares a ciertos agrupamientos. Así, tanto los resultados como los insumos de los modelos están sujetos a interpretación, carga teórica y sesgos. Ésta es la parte crítica.

¿El argumento básico? La maquinaria de modelado puede estar bien aceptada y las variables, funciones y derivaciones pueden estar propiamente articuladas y, sin embargo, los resultados de los modelos son sensibles a los insumos y a la interpretación. La reificación de nuestras expectativas, sesgos y mapas teóricos pre-existentes (p.ej., grupos humanos “lingüísticos” o “geográficos”) puede ocurrir en diversos sitios. En otras palabras, podemos generar cosas concretas (a saber, grupos biológicos) a partir de nuestros mapas representacionales abstractos (a saber, reificar) en un número de formas.

¿El objetivo? Motivar análisis sobre la lógica y los procedimientos de estos dos métodos y señalar sitios en los cuales puede darse la reificación. Concluyo con una lista incompleta de preguntas abiertas a ser investigadas que pueden inspirar a los estudiosos de estos tópicos.

### Una historia de dos métodos

¿Cuál es la lógica básica de estas dos familias de métodos? Muy brevemente, la partición de la diversidad evalúa la cantidad de diferenciación genética presente entre grupos humanos. ¿Qué tanto más similares genéticamente hablando son, en promedio, dos individuos aleatoriamente seleccionados a partir del mismo grupo en comparación con un individuo aleatoriamente seleccionado de este grupo y otro de un grupo distinto (ya sea de una misma región continental o de una diferente)? Si no hay diferenciación genética entre los grupos, entonces nuestros dos individuos del mismo grupo serán, en promedio, tan diferentes como un individuo del grupo y otro individuo de otro grupo. Si hay alguna variación entre grupos, entonces en promedio los dos individuos serán más parecidos entre sí que cuando se les compara con individuos de grupos diferentes. Los resultados empíricos encontrados repetidamente en los últimos 40 años, usando diferentes técnicas moleculares basadas ya sea en genes o en proteínas, así como un extenso muestreo global, indican que (aproximadamente) 85% de toda la varianza genética se encuentra entre sub-poblaciones humanas (e.g., los chinos Han o los Sami), 10% entre sub-poblaciones de una misma región continental y sólo 5% de la varianza genética se encuentra entre continentes (i.e., “Negroides”, “Caucasoides” y “Mongoloides” —términos empleados por Lewontin en 1972)<sup>327</sup>. Nadie cuestiona estos resultados ni debería hacerlo.

En contraposición, los análisis de agrupamiento asignan individuos particulares a grupos (*clusters*) o a combinaciones ponderadas específicas de más de un grupo. Y también determinan las frecuencias genéticas de los agrupamientos, bajo la premisa de un número particular de agrupamientos. Un indi-



viduo es asignado probabilísticamente al agrupamiento o conjunto de agrupamientos que más asemeja el “perfil de presencia” de alelos en el individuo. Intuitivamente, si un individuo es AA, nosotros (*ceteris paribus*) preferiríamos asignarlo a un grupo con una frecuencia de A de, digamos 90% y no a uno con 50%. Pero, ¿cómo evaluamos las frecuencias de los grupos? Usamos modelado bayesiano. Comenzamos con presuposiciones previas (los “priors” bayesianos) sobre las frecuencias de genes (p.ej., asumimos frecuencias extremadamente altas de A, B y C en algunos agrupamientos y frecuencias muy bajas en otros) y reajustamos las frecuencias previas después de un muestreo de genotipos individuales. En Pritchard<sup>328</sup> se describe cómo esto ocurre por medio de muestreos reiterativos en el modelo bayesiano de (1) frecuencias de alelos poblacionales (a saber, un vector  $P$ ) a partir de un vector  $Y$  ya conocido del genotipo de todos los individuos ( $X$ ) y la distribución (estimada) previa de las frecuencias de otro vector, la población de origen ( $Z$ ) y, (2)  $Z$  a partir de  $P$  y  $X$ . Con tal de que un número suficientemente alto de sitios sea empleado (al menos aproximadamente 50), los individuos pueden ser asignados a agrupamientos con probabilidades extremadamente bajas de clasificación equívoca. A saber, la confiabilidad de una asignación correcta de grupos es extremadamente alta. El poder computacional y los programas para estas tareas se han desarrollado en los últimos 10 años.<sup>329</sup>

### Partición de diversidad

¿Cuánta de la diversidad genética de una especie se localiza entre los individuos al interior de grupos particulares, o entre los grupos al interior de los grupos (e.g., regiones conti-

mentales) o entre grupos de grupos? Para evaluar la estructura jerárquica de la diversidad genética necesitamos desarrollar medidas de dicha diversidad. Dos tipos generales de propiedades se emplean para fundamentar las medidas de diversidad: propiedades *individuales* o *grupales*. La teoría clásica de genética de poblaciones<sup>330</sup> se enfoca en propiedades de grupos, especialmente la heterocigocidad. Otros trabajos recientes, tanto teóricos como empíricos, emplean información genética detallada —literalmente información de secuencias— para comparar los *genomas de individuos* tanto dentro como entre los grupos. En Excoffier<sup>331</sup>, se desarrolla la técnica de Análisis de la Varianza Molecular (ANOVA) que emplea la teoría del análisis de varianza para particionar la diversidad genética en tres niveles jerárquicos: individuos, grupos y entre grupos de grupos (e.g., regiones continentales) dentro de una especie<sup>332</sup>.

El ANOVA (Análisis de Varianza) es esencial para ambos tipos de análisis. El objetivo básico del ANOVA es evaluar y buscar las diferentes fuentes de variación. En su forma más simple, la lógica subyacente consiste en tres pasos: primero, modificar un único valor a través de diversos grupos de tratamientos mientras controlamos o aleatorizamos todos los otros factores. Segundo, medir el resultado de interés y, tercero, comparar la magnitud de la variación del resultado tanto *dentro* como *entre* los grupos diferentes. Si la diferencia de las magnitudes no es estadísticamente significativa, entonces el factor no puede considerarse como un elemento que genera una diferencia sobre dicho resultado. Sólo cuando las dos varianzas son significativamente diferentes (i.e., las medias grupales difieren suficientemente una de otra al comparar las diferencias entre los tratamientos, esto se calcula con un F-test, bautizado así para honrar a R.A. Fisher,

inventor del ANOVA) podemos atribuir un efecto generado por dicho tratamiento. Nótese que el ANOVA puede generalizarse para más de un factor (a saber, más de un tipo de tratamiento que produce ANOVAS de dos vías, tres vías, etc.) y para más de un nivel (p.e., ANOVAS Modelo II lidiando con variación aleatoriamente generada entre individuos y entre familias de estos individuos).<sup>333</sup> En el caso tanto de las propiedades grupales como individuales para la partición de la diversidad, los componentes de la varianza tanto dentro como entre los tratamientos (potencialmente en niveles jerárquicos) no son directamente comparados para evaluar diferencias estadísticas como sí es el caso en el ANOVA estándar. Por el contrario, los componentes de la varianza son simplemente estimados y presentados como la fracción de la varianza total atribuible a dicho componente.

$$F_{ST} = \frac{H_T - \bar{H}_S}{H_T}$$

Una de las medidas de diversidad comúnmente usadas en estas metodologías estadísticas es el estadístico F de Wright (“índice de fijación”) como la propiedad grupal de la heterocigocidad. Dirijamos nuestra atención a éste y luego veamos su relación con el ANOVA. El método básico consiste en evaluar los niveles de heterocigocidad (p.ej., Aa y no AA ni aa, para un solo locus bialélico) en diferentes sitios en grupos diferentes — p.ej., ¿qué es 2pq en los grupos 1, 2, 3, etc.? Mientras más semejantes son los niveles de heterocigocidad entre los grupos, más genéticamente similares son estos grupos.<sup>334</sup> Lewontin empleó la heterocigocidad como insumo para una medida basada en teoría de la información. El estadístico F de Sewall Wright es, empero, más ampliamente utilizado:

Donde  $H_T$  es la heterocigocidad total de la población entera y,  $H_S$  es la heterocigocidad dentro de cada subpoblación (grupo), ponderada por todas las sub-poblaciones. Aquí la idea fundamental es que comparamos la heterocigocidad total (calculada, primero, promediando todas las frecuencias de genes para diferentes sitios entre todos los grupos para luego emplear aquellos p's y q's para determinar la heterocigocidad esperada de la población total) con la heterocigocidad promedio de las sub-poblaciones (calculada al tomar la heterocigocidad actual de cada grupo para luego promediarlas a través de todos los grupos). En el caso extremo en el cual todos los grupos están fijos para uno u otro alelo de sitios bialélicos, la medida  $F_{ST}$  estará en su máximo de 1 ya que la heterocigocidad grupal promedio será 0. Los grupos serán asimismo máximamente diferentes en términos genéticos. De forma converso, cuando los grupos tienen exactamente los mismos niveles de heterocigocidad el promedio de la heterocigocidad actual será el mismo que la heterocigocidad total esperada ( $H_T$ ) y  $F_{ST}$  tendrá un valor de 0. Los grupos serían por tanto genéticamente idénticos.

La estimación de las heterocigocidades humanas grupales provee las medidas de la varianza de la diferenciación genética del 85% / 10% / 5%. Va más allá del alcance de este texto explorar los detalles de cómo  $F_{ST}$  y otros dos coeficientes de endogamia (del individuo al total de la población,  $F_{IT}$  y del individuo al grupo,  $F_{IS}$ ) se emplean para calcular las medidas de varianza empero, hay relaciones limpias, relativamente simples y bien documentadas entre los coeficientes jerárquicos de endogamia y los componentes jerárquicos de la varianza.<sup>335</sup> De hecho,  $F_{ST}$  es equivalente a la varianza entre grupos (a ese nivel). Pero, los otros componentes de la varianza tienen una relación más compleja con los coeficien-

tes jerárquicos de endogamia. El estadístico F y los componentes de la varianza son ambas medidas de la diversidad. Las matemáticas son claras. Los resultados empíricos son robustos. (Pero véase la sección 3).

¿Qué tipo de ontología se infiere a partir de los resultados del 85% / 10% / 5%? Muchos interlocutores han argumentado que estos resultados muestran que no hay mucha diferenciación genética entre grupos definidos bajo criterios geográficos, antropológicos o lingüísticos. Rechazan estas categorías como “reales”, o al menos como “biológicamente relevantes”. En particular, las categorías raciales fueron y son hipótesis evaluables que finalmente los datos falsean. (O al menos esto arguye el interlocutor). De hecho, los métodos que particionan la diversidad indican que la abstracción de “raza” no se fundamenta en datos genéticos.

### Análisis de agrupamientos

Asumiendo que individuos particulares pertenecen a grupos específicos (agrupamientos) o a combinaciones ponderadas específicas de más de un grupo (cuando se sospecha que cierto mestizaje pudo ocurrir, existen ancestros de múltiples poblaciones y esto es común), y suponiendo que hay un número específico K de grupos, ¿cómo pueden asignarse dichos individuos a sus grupos apropiados o a fracciones ponderadas de dichos grupos? En su forma más simple, el “perfil de presencia” (mi término) de alelos en el individuo es emparejado con el grupo o con la mezcla de grupos que más se le asemejan. La estructura genética de todos los sitios relevantes es empleada como información para inferir la membresía a cierto agrupamiento. Estructura aquí *no* significa (pero pue-

de significar, especialmente para caracteres fenotípicos “raciales”, véase sección (4) más adelante) que si un individuo tiene un alelo A, éste tenderá a tener un alelo B y C (de forma alternativa: si este individuo tiene cierta morfología facial también tenderá a tener un color de piel particular y un tipo de cabello específico). Después de todo, estas correlaciones asumen la existencia de desequilibrios de ligamiento significativos (a saber, no hay independencia estadística entre los sitios) entre los tres sitios, para lo cual no hay garantía, y lo cual comúnmente no es el caso, ciertamente no para los microsatélites, RFLPs, y SNPs neutrales que comúnmente se emplean en muchos de estos estudios. Por el contrario, estructura aquí significa que si los alelos de un número suficiente de sitios en un individuo dado son identificados, entonces podemos clasificarlo con muy alta probabilidad como perteneciente a un agrupamiento particular.

Un breve experimento mental puede ayudar a motivar ciertas intuiciones sobre la lógica del análisis de agrupamientos. Considérense dos grupos  $\Delta_1$  y  $\Delta_2$ , con frecuencias genéticas sistemáticamente diferentes. Para tres sitios bialélicos, A, B y C, las frecuencias del alelo dominante respectivo son { .9, .4, .49 } para  $\Delta_1$  y { .05, .7, .5 } para  $\Delta_2$ . Ahora disponemos de información acerca de la verosimilitud de que un individuo pertenezca a cierto grupo. Pensemos en esto: Si yo te digo que un individuo tiene un haplotipo *Abc*, ¿a cuál grupo apostarías que pertenece? La respuesta es  $\Delta_1$ . Después de todo, A está prácticamente ausente de  $\Delta_2$  y *b* es significativamente más verosímil en  $\Delta_1$  que en  $\Delta_2$ ; admitamos que si el individuo tiene C o *c* provee muy poca información. De manera más general, el análisis estadístico basado en modelos (ya sea a través de máxima verosimilitud o métodos estadísticos bayesianos)<sup>336</sup>, en comparación con métodos gráficos de análisis de

agrupamientos<sup>337</sup>, nos dicen con cuánta (alta) probabilidad un individuo pertenece a  $\Delta_i$ .<sup>338</sup> ¡Dejo como un ejercicio para el lector informado el evaluar cuánto dinero apostaría en este caso! El punto es que con suficiente información en torno a los sitios presentes en el haplotipo de los individuos podemos identificar con seguridad los agrupamientos a los cuales dicho individuo pertenece.

El punto es de hecho algo más engañoso porque las frecuencias alélicas poblacionales normalmente no se conocen sino que se estiman ellas mismas partiendo de los datos. Esto puede parecer viciosamente circular. Pero no lo es. Mientras decidamos *a priori* sobre un número fijo de agrupamientos,  $K$ , el mutuo ajuste entre las frecuencias alélicas del agrupamiento y los genotipos individuales puede calcularse de una forma directa. Básicamente, comenzamos con presuposiciones *a priori* acerca de las frecuencias genéticas (p.ej., asumimos frecuencias extremadamente altas de  $A$ ,  $B$  y  $C$  en algunos agrupamientos y bajas frecuencias en otros — a saber, altas frecuencias de  $a$ ,  $b$  y  $c$  para sitios bialélicos), para posteriormente ir reajustando y recalculando las frecuencias previas (los “priors”). Pritchard *et ál.* 2000, describen cómo esto se lleva a cabo a través de muestreos reiterativos de (1) las frecuencias alélicas poblacionales (a saber, un vector  $P$ ) partiendo de la distribución previa asumida de otro vector, la población de origen ( $Z$ ) y el ya conocido vector de los genotipos de todos los individuos ( $X$ ) (véase la nota al pie 2) y (2)  $Z$  a partir de  $P$  y  $X$ . En otras palabras, los siguientes pasos capturan el algoritmo más simple que ellos emplean (p. 947):

Paso 1. Muestra  $P^{(m)}$  de  $\Pr(P|X, Z^{(m-1)})$ .

Paso 2. Muestra  $Z^{(m)}$  de  $\Pr(Z|X, P^{(m)})$ .

Donde  $m$  indica el paso. El objetivo es crear agrupamientos o subconjuntos de individuos dentro de los cuales las expectativas Hardy-Weinberg se mantengan (por locus) y exista asimismo un equilibrio de ligamiento (entre sitios).

¿Qué ontología se infiere a partir del hecho de que individuos particulares pueden ser confiablemente asignados a agrupamientos robustos? Esto podría tomarse como evidencia a favor de una realidad en sentido fuerte de los grupos humanos, aunque pocos interlocutores hayan expresado este enunciado, quizás por las repercusiones potencialmente políticamente reaccionarias que dicha aseveración podría implicar. Al discutir “Lewontin’s Fallacy”, Edwards<sup>339</sup> afirmó que la siguiente aseveración “[la] división de *Homo sapiens* en grupos [raciales] no está justificada por estos datos” es falaz “porque el argumento ignora el hecho de que la mayor cantidad de información que distingue a las poblaciones se esconde en la estructura correlacional de los datos y no simplemente en la variación de factores individuales”. Él no formula aseveraciones ontológicamente fuertes en ese texto, pero sus argumentos no son inconsistentes con una posición que exprese que las clasificaciones basadas en regiones continentales son reales. El argumento de fondo aquí parecería ser que la significativa confiabilidad inferencial apoya la realidad de las clasificaciones de grupos humanos. Los resultados de estos dos métodos apuntan, por lo tanto, en direcciones ontológicas opuestas. Pero los métodos son consistentes matemáticamente, como veremos en la próxima sección.

La reificación de nuestros sesgos e interpretaciones teóricas pueden ocurrir en muchos lugares del proceso de modelización, p.ej., en las fases de insumo de datos y de evaluación de los resultados. El argumento no es que las dos estrategias de modelización aquí analizadas, partición de

diversidad y análisis de agrupamientos, son inútiles o que las matemáticas son incorrectas. Pero en algunos lugares del proceso de modelización, es difícil saber como “preparar” los insumos o como interpretar los resultados. Una *arqueología de supuestos* (a la Foucault y Hacking) es necesaria. Diferentes tipos de supuestos (p.ej., metodológicos, ontológicos y análisis de datos) tienen que presentarse y analizarse de manera clara y autoreflexiva. Las preguntas y las metas de los modelos deben de articularse y comprenderse explícitamente. Una *crítica informada* es deseable.

### ¿Consistencia metodológica interna?

Nuestros dos métodos son formas distintas de *caracterizar la estructura jerárquica de la variación genética*. El primero evalúa la composición jerárquica de la variación genética al explorar cuán diferentes o similares son, entre sí, los grupos. La segunda asigna individuos a agrupamientos y encuentra agrupamientos por medio del uso de estrategias de modelación o metodologías gráficas. Los dos métodos son empleados con el mismo objetivo general de evaluar la estructura jerárquica genética de las poblaciones (humanas) pero de hecho responden ante diferentes interrogantes y utilizan métodos distintos para hacerlo.

Ambas son mutuamente consistentes. De hecho, la diferenciación entre grupos (como es medida por el estadístico F) es el resultado lógico de la semejanza de los individuos dentro de los grupos (como se muestra en el caso del programa Structure) y viceversa, más allá de lo pequeñas o grandes que dichas magnitudes puedan ser. Así, no hay un método “incorrecto” o inválido aunque ambos puedan ser usados de forma inapropiada si se les emplea para contestar

preguntas para las cuales no fueron diseñados.<sup>340</sup> La partición de la diversidad indica correctamente que hay poca diferenciación genética entre las “razas” y sólo un poco más entre las poblaciones dentro de una “raza”. (Nótese cuán poca variación hay entre los seres humanos en general. Somos idénticos a través de gran parte de nuestro genoma. En este campo científico de la genética de poblaciones de seres humanos, sólo las secuencias que varían son consideradas). A pesar de que la vasta mayoría de la variación genética existe entre individuos, la construcción de agrupamientos *todavía* se puede llevar a cabo, si asumimos que los agrupamientos existen y que hay un número determinado de éstos. Todo lo que se requiere es un poco de variación (léase: no identidad) entre las frecuencias genéticas en diferentes poblaciones y entre las distintas regiones continentales. De hecho, llevando el argumento a su extremo, si dos grupos o agrupamientos de individuos tienen frecuencias idénticas en 9, 999 sitios pero difieren en la frecuencia de un solo locus, ¡Serían por tanto grupos diferentes! Como en Rosenberg se afirma<sup>341</sup>: “El desafío de los estudios genéticos en torno a la historia humana consiste en emplear un escaso acervo de diferenciación genética entre poblaciones para inferir la historia de las migraciones humanas.” (p. 2384). Podríamos añadir: inferir la membresía de cada individuo a cierto grupo particular (dadas las presuposiciones del modelo estadístico).

Mientras nuestros dos métodos matemáticos son consistentes, sus objetivos y presuposiciones son diferentes. La partición de la diversidad es particularmente útil para análisis evolutivos sobre las posibilidades de selección y deriva genética en poblaciones jerárquicas. (El propósito de Lewontin con este estudio fue, empero, mostrar que no hay justificación para el concepto de “raza”). Los análisis de

agrupamientos pueden ser usados para predicciones médicas<sup>342</sup>, o para inferir la historia de las migraciones humanas (pero véase punto 1 en las conclusiones, sección 5). Naturalmente, cuestiones normativas altamente cargadas aparecen inmediatamente. Es interesante que cualquiera de los dos métodos (partición de diversidad o análisis de agrupamientos) puede usarse para inferir patrones de migración, porque las poblaciones estructuradas (con un valor  $F_{ST}$  suficientemente alto) y los agrupamientos (poblaciones inferidas con los métodos bayesianos<sup>343</sup>) corresponden, en cierto grado al menos, a linajes históricos. Resumiendo, los dos métodos son consistentes pero se basan en presuposiciones distintas y poseen propósitos diferentes.

### Sitios de reificación

Los dos métodos matemáticos aquí descritos son simplemente matemáticas desnudas. Sus lógicas son inescapables, empero los métodos son altamente dependientes de las presunciones utilizadas en su construcción. Comencemos nuestra exploración de los sitios en los cuales la reificación pernicios<sup>344</sup> puede ocurrir atendiendo a la etapa del modelado asociada con los datos como insumos. ¿Qué suposiciones se dan por sentadas con respecto a la homogeneidad de los tamaños de las muestras entre grupos? y, ¿qué tan representativas son dichas muestras con relación a estos grupos (p.ej., considérese la diferencia de muestrear a los chinos Han con una población de aproximadamente 1.2 mil millones contra los aproximadamente 100,000 Samis del Norte de Europa)? ¿Son los datos muestreados independientes unos de otros? y, ¿son los datos de diferentes grupos homocedás-

ticos (a saber, la varianza atribuible al error es constante en los datos muestreados a través de diferentes grupos o agrupamientos)? ¿Es la apariencia fenotípica empleada de forma consciente o inconsciente en tanto un tamiz o pantalla que guía qué individuos se escogen para muestrear su sangre y tejidos (si así es, los puntos muestreados no son independientes)? ¿Qué definiciones de agrupamientos / grupos son o deben ser empleadas al comienzo, ya sea al coleccionar datos y definir los grupos a ser evaluados en la partición de la diversidad o, al coleccionar datos y establecer las frecuencias previas (los “priors”) en nuestro análisis bayesiano de agrupamientos? ¿Proveen la geografía, la arqueología, la antropología o la lingüística información, exacta o no, con antelación al análisis genético? Si no es así, ¿en qué grado es que proveen dicha información? Todas estas son preguntas acerca de la confiabilidad de los insumos de datos de nuestros modelos: ¿Quién es muestreado y cuáles grupos son presupuestos? La reificación de la “raza” puede ocurrir fácilmente en este estadio (por ejemplo, cuando perdemos de vista nuestras expectativas y representaciones teóricas emanadas de otros campos como la antropología o la lingüística).

Enfoquémonos por un momento en la definición de grupos en tanto un insumo del modelado. En cada uno de estos dos métodos matemáticos hay una “interacción genes-cultura” irreducible al definir las poblaciones. De hecho, los grupos son presupuestos o al menos están altamente predeterminados. En la partición de la diversidad, el punto de inicio es el conjunto de grupos ya identificados por características fenotípicas, geográficas o culturales (p.ej., el lenguaje). En otras palabras, debe haber un conjunto de propiedades, invariablemente correlacionadas a la cultura, que provee la clasificación contra la cual se compara la variación genética. En

el análisis de agrupamientos utilizado por el programa Structure la biogeografía y la cultura son usualmente empleados para establecer probabilidades previas bayesianas fuertes. El espacio de fase para la información multilocus es demasiado extenso, y las posibilidades de conglomeración demasiado masivas, para no acotar —guiar— las posibilidades al emplear mapas abstractos de grupos culturalmente definidos. De hecho, “El [enfoque bayesiano] también facilita la incorporación de varios tipos de información previa que pueden estar disponibles, tales como la información acerca de la localización geográfica [o lingüística, antropológica, etc.] de los individuos.”<sup>345</sup> ¿Podrían haber probabilidades previas puramente aculturales en Structure? Sugiero que tal vez sesgos inconscientes (p.ej., los individuos de hecho muestreados) y prácticos (p.ej., cuáles genes son más fácilmente secuenciados) serían un aspecto irreducible del esfuerzo de modelado. Una muestra aleatoria, independiente y representativa de cada y de toda población humana (cualesquiera que éstas sean, dada la variación *clinal* y *gradual* de la variación humana)<sup>346</sup> se nos presenta como una tarea extremadamente desafiante. Por supuesto, las aseveraciones acerca de la reificación y la naturaleza convencional de las definiciones de grupos en la partición de la diversidad, así como en las probabilidades previas del enfoque bayesiano en el análisis de agrupamientos, requieren ser substanciadas a través de la revisión de estudios de caso particulares. A manera de un experimento mental, considere lo que harían aquellos constructores de modelos si “encontraran” un agrupamiento que entrecortara la cultura? ¿Lo aceptarían o lo modificarían al añadir probabilidades previas más sensibles a lo cultural (y, correlacionado, a lo geográfico)? Un número considerable de proyectos de investigación en la sociología y en la filosofía

de la ciencia nos aguardan. La reificación perniciosa de nuestros mapas teóricos, y de nuestras expectativas, acerca de los grupos y de las poblaciones no es inverosímil y, quizás, no es trivialmente evitable.<sup>347</sup>

Atendamos ahora a los resultados de los modelos. Una vez que tenemos nuestras medidas de  $F_{ST}$  así como las descomposiciones de la varianza, ¿cuánta diferencia es suficiente? ¿Es la de  $F_{ST}$  humana de 0.15 suficiente para considerar a los grupos distintos y atribuirles un estatus óntico o, debemos alcanzar la típica  $F_{ST}$  “límite” de entre 0.25 y 0.30?<sup>348</sup> Segundo, dado que el “problema de inferir el número de agrupamientos,  $K$ , presentes en un conjunto de datos es notoriamente difícil” y porque la “distribución posterior puede ser peculiarmente dependiente con respecto a los presuposiciones asumidas”<sup>349</sup>, es complicado saber exactamente cómo interpretar la confiabilidad de los agrupamientos dado cualquier número particular de  $K$ . De hecho, nótese que una  $K$  de 3 ó 6<sup>350</sup> es percibida como natural o como un corte verdadero sobre la variación genética humana que refleja así las regiones continentales. Pero esto en sí mismo puede ser una reificación. Después de todo, Structure identifica “múltiples formas de dividir a los individuos muestreados en un número  $K$  de cúmulos donde  $K > 6$ ”<sup>351</sup>. Por ejemplo, en 10 réplicas, Structure encontró 9 formas diferentes de dividir a los individuos muestreados en 14 agrupamientos... (N. Rosenberg, comunicación personal).<sup>352</sup> Así, la naturalidad de  $K = 3, 6$  es una elección convencional acerca de cómo interpretar la robustez de los resultados modelados y no un espejo de la naturaleza.<sup>353</sup> Nunca podemos estar completamente seguros del número exacto de agrupamientos en el nivel más “grueso”. El problema se complica por el hecho de que para una  $K$  alta, no hay siquiera una agrupación “artificial” robusta. ¡Y, noso-

tros necesitamos asumir un número particular referente a  $K$  para poder llevar a cabo el muestreo reiterativo mencionado en la sección anterior (2.2)! Cómo interpretar los resultados del modelo depende de juicios convencionales: seleccione el punto de corte adecuado para  $F_{ST}$  y seleccione un  $K$  apropiado, y manténganse entonces con ese agrupamiento.

¿Pueden existir “razas” fenotípicas sin “razas” genéticas?

Las interacciones genes-cultura en la definición de grupos existen incluso si hay o hubiera diferenciación fenotípica entre los grupos. Las diferencias fenotípicas no son un indicador de las diferencias genéticas. ¿Por qué? La diferenciación fenotípica está basada en la genética pero de hecho sabemos muy poco acerca de las bases genéticas de rasgos complejos tales como la morfología facial y, en cualquier caso, la variación genética para caracteres fenotípicos potencialmente diferenciados sería una fracción muy menor de toda la variación genética (y viceversa si el medio ambiente es importante en el desarrollo del fenotipo). Así, incluso si el fenotipo está parcialmente determinado por “alelos privados” de cada “raza” (lo cual los haría un tipo extremadamente raro de alelo) e incluso si las “razas” fenotípicas existiesen —i.e., si son clases naturales o, incluso “clases humanas” para usar la fraseología de Hacking (yo permanezco neutral con respecto a la ontología de las “razas” fenotípicas a cualquier nivel), la reificación genética de la “raza” puede todavía presentarse y ocurriría por razones independientes a la existencia potencial de los fenotipos (es decir, ocurrirían como una consecuencia de los sesgos y los mapas abstractos delineados anteriormente). En otras pala-

bras, los dos métodos, la partición de la diversidad y el análisis de agrupamientos, a pesar de su confiabilidad matemática intrínseca y su mutua consistencia, están reificando genéticamente la “raza” por su sensibilidad ante presuposiciones de varios tipos. Esto es así sin importar la existencia o inexistencia de las “razas” fenotípicas.

Acerca de la estabilidad de los fenotipos dentro de los grupos y de la diferenciación entre grupos afirman <sup>354</sup>:

Empleando el color de piel, la forma facial y el tipo de cabello, todos [estos rasgos] obviamente determinados genéticamente en gran medida... nadie tiene dificultad alguna en distinguir entre una persona seleccionada al azar tomada de África Occidental, de China, de Noruega, o del bosque tropical lluvioso de la cuenca del Orinoco. Con un poco más de sutileza uno puede diferenciar a los nativos de Etiopía de habla Ambárica de los Zulú, a los Chinos de los Japoneses, y a los habitantes de Andhra Pradesh de los Afganos a partir de sus morfologías externas.

La medición y el estatus óntico de los grupos bien pueden tener que ser evaluados de forma separada al nivel genético y al nivel fenotípico. Este es un problema técnico y filosófico que merece consideración.

¿Hay un futuro para los dos métodos matemáticos y la reificación genética?

¿A dónde quiero ir con todo esto? Por ahora me encuentro desarrollando un marco teórico que identifica las promesas y los peligros de las abstracciones científicas. Busco encontrar



critérios y normas que nos permitan diferenciar entre los usos productivos y fecundos de nuestros mapas científicos abstractos (tales como los grupos “culturales” o “lingüísticos”) y los casos en los cuales éstos se reifican perniciosamente. En otras palabras, ¿hay grupos humanos particulares de cierto tipo que estén fundamentados en patrones de variación genética o es el agrupamiento una imposición sesgada y “viciosamente abstracta” sobre los datos genéticos, para emplear la locución de William James? ¿Cómo reconoceríamos la diferencia entre los usos productivos y perniciosos de nuestras abstracciones, de nuestros mapas? Este “estudio de caso” de la abstracción y la reificación en la ciencia nos permite reflexionar sobre si los biólogos están de hecho midiendo algo significativo en sus agrupamientos, sobre si de hecho están justificados en su labor de *construcción de clases*<sup>355</sup> y, sobre si hay algún Conocimiento / Poder (empírica y normativamente) en este empleo de agrupamientos a la hora de predecir y formular explicaciones acerca de la evolución humana, la adscripción de capacidades (e.g., inteligencia y atletismo), y las proclividades ante las enfermedades. Y, ¿por qué debería importarnos? Es obvio que las dimensiones sociales y políticas son significativas. La pregunta misma sobre qué significa ser humano está siendo interrogada como lo está nuestra (comprensión acerca de) la libertad, capacidad y dignidad humanas. El propósito central de este capítulo es ayudar a entender ambos métodos matemáticos antes de tornar nuestra atención a las preguntas más profundas sobre la normatividad y la naturaleza metafísica de las clases de *Homo sapiens*.

A continuación expongo algunos proyectos de investigación pertinentes a este estudio de caso que pueden ser considerados objetos de interés tanto en los estudios de la ciencia como para los filósofos de la ciencia:

1. *Clasificación y mecanismo*. ¿Tienen alguna relevancia mecánica los genes que empleamos en la clasificación de los grupos humanos? Nuestras tecnologías materiales y teóricas aún no nos permiten evaluar de forma sistemática la relevancia causal de cualesquiera diferencias genéticas entre grupos. Presumiblemente algunos de estos genes estarán involucrados en la génesis de los fenotipos que parecen distinguibles entre los grupos humanos. (Esto en sí mismo sería un tema ampliamente discutido). Pero hasta que encontremos formas de describir las redes genéticas causales en sí, el juicio acerca de la relevancia mecánica de los genes específicos a ciertos grupos (i.e., alelos “privados” o genes que tienen diferencias extremas en sus frecuencias de aparición entre las poblaciones) deberá esperar. ¿Qué tipo de estudios empíricos deben llevarse a cabo para identificar los genes mecánicamente relevantes? ¿Pueden nuestras investigaciones clasificatorias arrojar luz sobre las preguntas mecánicas?
2. *El recuento SMEO-P sobre el modelado*. En trabajos previos<sup>356</sup> he proveído de un recuento simplificado y lineal del proceso de modelado. Éste consiste en “Establecer las condiciones del modelo (*Setting-up*), Manipularlo matemáticamente, Explicar, Objetivar y Pluralizar”, a saber SMEO-P. Este recuento enfatiza la importancia de las presuposiciones ontológicas y metodológicas en el proceso de llegar a comprender el mundo. ¿Qué presuposiciones están en juego en este estudio de caso? He comenzado a cartografiarlas en este texto pero aún resta mucho por andar.
3. *El rol del biólogo en los “Debates sobre la raza”*. Más allá de los resultados empíricamente robustos (85% / 10% / 5% y la extrema confiabilidad de las asignaciones a agrupamientos) y, más allá de cualesquiera definiciones o criterios

sobre la realidad de los grupos que los biólogos tengan, habrá consideraciones sociales y políticas que pueden forzar a los científicos a exhibir un bajo perfil acerca de los tipos de interpretaciones realistas / constructivistas / eliminativistas que pueden darse (Haslanger discute estas tres familias de interpretaciones). Presentado de otra forma, ¿es la historia de los discursos raciales y biologizantes, de la objetivación y reificación de las categorías raciales tan violenta, que todos debemos ser parte de un diálogo iluminador que exprese los hechos y metodologías biológicas pero que también incorpore los contextos históricos, políticos y sociales? ¿Debemos acaso mantener categorías como “razas” humanas, “etnicidad” y “población” dado sus bagajes históricos? ¿Sugiere nuestra metodología matemática que podemos adscribir el estatus de *reales* a diversos grupos al menos en ciertas ocasiones y con alguna justificación? ¿Qué deben y pueden añadir los biólogos a la discusión sobre la realidad / reificación de la “raza”?

---

**¿DE CUÁNTAS MANERAS PODEMOS  
DIVIDIR A LOS MEXICANOS?  
SOBRE CLASES NATURALES Y CLASES RELEVANTES**<sup>357</sup>

---

YURIDITZI PASCACIO MONTIJO

*La clasificación del INMEGEN*

El Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) tiene como objetivo principal desarrollar las bases para la medicina genómica con el fin de mejorar el cuidado de la salud de la población mexicana. Con este fin desarrolló entre 2005 y 2009 el Proyecto de Diversidad Genómica de los Mexicanos (PDGM). En mayo de 2009 se publican los primeros resultados de ese proyecto en los que, afirman, el mapa que muestran de la diversidad genómica de la población mestiza mexicana es la base para desarrollar la medicina genómica en México.

Ordenar y clasificar las poblaciones de modo que sean útiles para desarrollar este tipo de análisis es una de las tareas básicas de la investigación. Estos estudios parten de ciertos presupuestos tradicionales de la genética de poblaciones humanas. Una población se ha entendido como un grupo de individuos en una especie que muestra una relación genética más cercana dentro del grupo que con los otros miembros de los demás grupos<sup>358</sup>. Esto es, se consi-

dera que cada población humana tiene diferencias genéticas en frecuencias. Estas repercuten en variantes fenotípicas; en características físicas como el color de la piel, del cabello, la conformación del cuerpo o características faciales y, algunas veces también se incluyen similitudes lingüísticas y culturales.

Uno de los primeros problemas a los que se enfrenta este tipo de análisis es, sobre todo con humanos, demarcar a una población. Normalmente es de manera indirecta que podemos analizar y caracterizar la estructura genética de una población. Se parte de obtener muestras “representativas” y con base en ellas se infiere la estructura genética de frecuencias en la población. La mayoría de las veces sólo se consideran muy pocos marcadores genéticos. La convicción de que se trata de poblaciones distintas es, sin embargo, previa al muestreo y está basada en las diferencias fenotípicas observables para hacer inferencias sobre las estructuras genotípicas correspondientes<sup>359</sup>. Generalmente, este tipo de inferencia se basa en el supuesto de que las diferencias fenotípicas observables son el resultado del efecto causal de la estructura genética. La complejidad está en obtener el conjunto correcto de características fenotípicas que corresponda a una genética propia para poder así definir una población. Una de las maneras más comunes de resolver este problema es utilizar diferentes clasificaciones humanas distinguidas culturalmente por la antropología o la demografía, entre otras disciplinas científicas, como punto de partida de la diferenciación genética.

Por ejemplo, actualmente se ha desarrollado una gran diversidad de proyectos de secuenciación de genomas de distintas poblaciones en términos de naciones. Así conocemos sobre los proyectos del genoma de los islandeses<sup>360</sup>, de los

brasileños<sup>361</sup>, de los hindúes<sup>362</sup> y, entre los más recientes, el de los judíos<sup>363</sup>. Todos estos proyectos desarrollados bajo el supuesto de que, debido a su historia, identidad y cohesión, una nación tiene una estructura genética propia que vale la pena ser estudiada con el fin de conocer las relaciones de ancestro y descendencia y/o la salud y la enfermedad que se dan en ella. En este contexto es que se ubica el MGDGP del INMEGEN<sup>364</sup>, en el cual me enfocaré para el desarrollo del presente análisis.

Entre los resultados publicados por el INMEGEN en mayo de 2009, se afirma y, de algún modo, se busca demostrar que la población mexicana es idónea para desarrollar un proyecto de secuenciación del genoma del mestizo y que, a su vez, estos son una base ideal para desarrollar investigaciones en medicina genómica. Esta creencia está en la base de los estudios de poblaciones mexicanas que realizaron a partir de la siguiente consideración de estructura:

1. En un primer nivel, se piensa una relación directa de nación-población: los miembros de la población mestiza mexicana son los nacionales de México.
2. En un segundo nivel, se acepta una división de esta población en tres zonas: zona norte, zona centro y zona sur.
3. En el tercer nivel, estas tres zonas están representadas en su estudio por seis regiones políticas: la zona Norte: compuesta por (1) Sonora y (2) Zacatecas; la zona Centro: compuesta por (3) Guanajuato, (4) Guerrero como la región Centro-Pacífico y (5) Veracruz como la región Centro-Golfo; y la zona Sur: compuesta por (6) Yucatán en el Sureste. A su vez estas seis regiones están representadas por los individuos que aportaron muestras, se trata de un conjunto de 330 que se autoidentificaron como mestizos.

Hay una relación directa entre los individuos del muestreo de las seis regiones políticas con seis subpoblaciones, a las que se les agregó otra séptima “subpoblación” que se considera corresponde a la población “amerindia”, una muestra de zapotecas.

Entre los resultados más resaltados por el INMEGEN está que: al nivel de nación-población, la población del mestizo mexicano presenta SNPs<sup>365</sup>privados AMI<sup>366</sup>. Esto es, hay variaciones alélicas de un solo nucleótido que únicamente se han detectado hasta ahora en los mestizos mexicanos y no en otras poblaciones nacionales. Entre otras cosas esto justifica el que se desarrolle un proyecto de secuenciación dada la singularidad de la población. A su vez, al nivel de las regiones-subpoblaciones se encontró que los índices de heterocigocidad (con valores de 0.287 a 0.229) indican que las seis poblaciones mestizas efectivamente son mestizas y que la población amerindia efectivamente es amerindia. La presencia de marcadores de ancestría europea, africana y asiática (las dos primeras tomadas del proyecto HapMap, y las últimas de sus muestras zapotecas) en distintas proporciones, confirmaron el mestizaje anticipado de las subpoblaciones estudiadas: los mestizos son mestizos. Y además, se mostró que la séptima población es más pura o natural que las anteriores ya que como explican, a pesar de mostrar mestizaje también, este era menor. Finalmente, mediante estudios de componentes genéticos se concluyó que en promedio la población mestiza tiene 55.22% de ancestría genética amerindia, 41.8% de ancestría genética europea y 3.5% de ancestría genética africana.

### *El problema de la clasificación del INMEGEN.*

Regresando al problema de definir una población y para comenzar con el ejercicio filosófico, lo que me interesa resaltar aquí es que la clasificación y partición poblacional del INMEGEN no se basa en fenotipos observables sino en diversas categorizaciones preestablecidas. En la división política del país y en los criterios provenientes del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), así como la categorización arbitraria del INMEGEN que distingue a ciertos “zapotecas” como una población. Esto sin olvidar que se presupone que hay una definición que establece eso que es el mestizo mexicano, tema que no trataré aquí pero que se trata en el presente libro<sup>367</sup>. En otras palabras, el punto será mostrar que las categorías clasificantes que utiliza el INMEGEN han sido generadas en otros contextos y con objetivos distintos a los de un proyecto de medicina genómica, y esto está actuando como moldes y constreñimientos, en el sentido negativo, al desarrollo de un proyecto de este tipo<sup>368</sup>.

Para comenzar el análisis la primer pregunta que surge es en torno a la relación causal que se supone debería existir entre la división política de los Estados Unidos Mexicanos y la estructura genética de la población del mestizo mexicano. A juzgar por las inferencias que llevan a los resultados del INMEGEN, efectivamente hay una relación causal ya que hay una estructura genética del mexicano que la nación le impone. Tomando como verdadero lo anterior, la siguiente pregunta que valdría la pena hacernos entonces es: ¿qué pasaría si en lugar de haber seleccionado la división política del Estado-nación y de sus estados libres integrados se hubieran seleccionado las clasificaciones de otras instituciones que también “dividen” a la población como la Comisión Nacional

para el Desarrollo de Pueblos Indígenas (CDI), o el Instituto Nacional de Lenguas Indígenas (INALI) o las del Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH)? El mapa y la estructura poblaciones tendrían que ser diferentes.

A partir de otras “divisiones” es probable que se modificara la estructura genética del mestizo mexicano. Me interesa explorar, en primer lugar, cómo la clasificación del INMEGEN se traslapa con una gran variedad de maneras de clasificar a los mexicanos. Haré énfasis en que para el caso de algunas de esas clasificaciones sí existe una relación directa entre ellas y los intereses de las instituciones que las usan. Relación que, para el caso del INMEGEN, no queda clara qué podría indicar sin necesidad de acudir a muestras de DNA ni secuenciación, dado que la estructura genética del mestizo mexicano podría variar dependiendo de la clase o población escogida como punto de partida para el análisis genético poblacional.

La gran partición del INMEGEN, es la de la división política en estados que es una clasificación establecida artificialmente por el Estado o nación con el fin de definir espacios autónomos, libres y soberanos para la elección de gobernadores, legisladores y jefes delegacionales así como para el desarrollo de políticas internas. En México se distinguen 31 entidades federativas y un Distrito Federal entre las que encontramos a las que utiliza el INMEGEN como subpoblaciones: Sonora, Zacatecas, Guanajuato, Guerrero, Veracruz y Yucatán. Esta clasificación corresponde a la reforma del artículo 43 de la Constitución Política de los Estados Unidos Mexicanos, fue establecida por primera vez tras la promulgación de la Constitución de 1917 y reformada en 1974. Un punto importante que hay que resaltar es que esta partición no corresponde o se basa en un criterio antropológico (o biológico, genético o cultural) de las

poblaciones o culturas mexicanas: simplemente divide al país geográficamente con fines políticos.

La Comisión Nacional para el Desarrollo de Pueblos Indígenas (CDI) surgió en 2003 tras la publicación de la Ley de la Comisión Nacional para el Desarrollo de los Pueblos Indígenas. El objetivo de esta Comisión es vigilar que se logre el desarrollo integral, sustentable y el ejercicio pleno de los derechos de los pueblos y comunidades indígenas. Con este fin, esta Comisión clasifica a los indígenas como una “minoría” que se distingue con claridad de los mestizos, quienes supuestamente constituyen “la mayoría” de los mexicanos. De manera específica los concibe en función de sus diferencias con los demás mexicanos en palabras de Navarrete son: “ellos los que hablan idiomas distintos a la ‘lengua nacional’, el castellano; son ellos los que tienen costumbres diferentes, los que se visten de otra manera, los que no se han ‘integrado’ plenamente a la nación y a la mayoría mestiza”<sup>369</sup>.

La CDI reconoce 62 poblaciones indígenas caracterizadas en términos del volumen de hablantes de la lengua predominante en una localidad. Así, entre los pueblos indígenas que se distinguen encontramos, por ejemplo, a los hablantes de la lengua zapoteca de la región de los Valles Centrales de Oaxaca y a los hablantes de la lengua zapoteca de la región del Istmo de Tehuantepec. El primero corresponde o se define como un grupo etnolingüístico zapoteco que ocupa el tercer lugar entre la población indígena de México, con alrededor de 401 458 hablantes distribuidos por todo el territorio nacional y son encontrados en cantidades muy variables en Veracruz, Baja California, Sinaloa, Chiapas y Sonora, así como en la Ciudad de México y en los Estados Unidos<sup>370</sup>. El segundo conforma el pueblo indígena mayoritario del Istmo de Tehuantepec como macro etnia y

constituye el primer grupo del estado de Oaxaca con una población total de 546 288 habitantes, de los cuales 7 de cada 10 habla el zapoteco<sup>371</sup>.

El Instituto Nacional de Lenguas Indígenas (INALI) también fue fundado en 2003 tras la publicación de la Ley General de Derechos Lingüísticos de los Pueblos Indígenas. Tiene como objetivos cuidar que se dé el pleno uso de los hábitos lingüísticos tradicionales de los pueblos y comunidades indígenas, cuidar la lengua como uno de los componentes nucleares del entramado psico-socio-cultural de estos pueblos y comunidades. El catálogo de lenguas indígenas desarrollado por esta institución reconoce 364 variantes lingüísticas asociadas a 68 lenguas que, a su vez, pertenecen a 11 familias lingüísticas. Esta clasificación fue elaborada mediante un acercamiento cartográfico a los asentamientos que históricamente han ocupado los hablantes de las lenguas indígenas nacionales y se consideraron algunos indicadores socioculturales contemporáneos. Se obtuvo como producto final un catálogo cartográfico de las lenguas indígenas<sup>372</sup>. Lo que ahí se muestra es que la lengua zapoteca representa a la familia lingüística otomangue u otomangue y se subdivide en 64 variantes lingüísticas como: el zapoteco de la Sierra sur, el del noroeste alto, de Santa María Temascalapan, el de la Costa Central, etc. Cada una de las variantes corresponde a la ubicación geográfica de cada una de las distintas comunidades hablantes.

Tenemos entonces que, a partir de unas cuantas maneras de dividir a los mexicanos, lo primero que resalta es la complejidad de formas en que se pueden agrupar las poblaciones dependiendo de una gran variedad de características o rasgos interesantes para las instituciones que las distinguen. Enfocándonos por un momento en la población amerindia que distingue el INMEGEN como zapotecas, surgen

dos preguntas inmediatamente surgen: (1) ¿existe esa clase “zapotecas”? y; (2) ¿es esta clase relevante para los análisis de la medicina genómica? Cuando se realizan este tipo de análisis, se considera que las distinciones genéticas propias de una población fueron originadas en un tiempo determinado de la evolución humana por los efectos de los diferentes tipos de alimentación, hábitos, climas, entre otros, de una zona geográfica determinada; los cuales dieron lugar a la selección de ciertas variantes genéticas y la fijación de ciertos fenotipos distintivos<sup>373</sup>.

Si tomamos en cuenta las consideraciones anteriores, podemos notar que la representatividad de los zapotecas del muestreo del INMEGEN es ficticia. No podemos negar que los individuos se hayan auto identificado como zapotecas, pero no podemos olvidar todo lo que hay involucrado en esta identificación. Por ejemplo, debemos pensar que la auto adscripción a un grupo depende generalmente de factores sociales, culturales e incluso psicológicos como de carácter afectivo. Entonces, si tomamos esta clase, zapotecas de una localidad de Oaxaca, y la comparamos con las diferentes maneras mencionadas de dividir a los mexicanos encontramos que podría corresponder a un sin fin de clasificaciones existentes. En estos términos, el individuo zapoteca tiene la posibilidad de identificarse tanto con las clasificaciones del INEGI, de la CDI o del INALI como con la familia de alguno de los padres del individuo auto identificado con la que se relacione afectivamente de manera cercana en el caso de que este sea hijo de un padre zapoteco y otro mije o huave. Incluso un individuo auto identificado así puede tener un padre estadounidense (anglosajón) y/o una madre nacida en Sinaloa que se auto identifica como zapoteco de los valles centrales que nació en Sinaloa. Lo anterior mues-

tra que la relación con alguna realidad biológica o genética estable y objetiva es muy improbable para este tipo de clasificación que usa acríticamente el INMEGEN.

### Sobre clases naturales y clases relevantes

Para cerrar este ejercicio analítico, me gustaría hacer algunas reflexiones en torno a la noción de clasificación implicada en este tipo de investigaciones de la medicina genómica. En filosofía una manera en la que se ha abortado la discusión sobre la objetividad de una clasificación científica o de un término clasificatorio como el de población, se cifra en términos de la noción de clase natural. En filosofía de la biología, es ampliamente utilizada esta noción para justificar que las especies biológicas son grupos naturales distinguibles unos de otros independientemente de cualquier interés o contexto. Este tipo de análisis se ha utilizado con el fin de intentar demostrar que las poblaciones humanas cuentan como grupos naturales distinguibles por propiedades intrínsecas de clase natural. La relación que se ha hecho tradicionalmente es la de igualar ciertas poblaciones humanas con razas y pensar éstas como clases naturales<sup>374</sup>.

A primera vista parece interesante la posibilidad de que un grupo humano corresponda con una clase natural, pero rápido encontramos que son más los problemas que podemos encontrar que las ventajas que esta estrategia nos puede aportar. A grandes rasgos una clase natural es un conjunto de entidades cuya existencia en la naturaleza es independiente de la actividad técnica o interpretativa del ser humano y que comparten rasgos intrínsecos de similitud de los que depende su pertenencia a la clase; un ejemplo típico

son los elementos químicos. Generalmente se dice que existe un número de propiedades que caracterizan a los individuos que componen una clase. Entre las diferentes teorías de clases naturales, para ser miembro de una clase, un individuo debe tener una estructura ontológica típica, debe cumplir con condiciones necesarias y suficientes de membresía<sup>375</sup> o puede poseer un cúmulo homeostático de capacidades<sup>376</sup> que mantenga la unidad del agrupamiento. En cualquiera de los casos, los agrupamientos son descubiertos mediante la investigación científica, son nombrados y permanecen iguales para todo tiempo y espacio como entes estables; la validez del agrupamiento está dada por la ontología de la clase, generalmente, en términos del descubrimiento de propiedades o disposiciones naturales efectivas.

Son todas esas características las que hacen de la noción de clase natural interesante para entender la subclasificación en grupos de la especie *Homo sapiens*, en especial aquellos intentos de encontrar estructuras biológicas desigualmente distribuidas entre las pretendidas razas humanas, que vuelvan objetiva dicha división, como es el caso de la genómica poblacional que busca “genomas nacionales”. La suposición de fondo es que las poblaciones humanas son clases naturales y eso requiere la investigación de las estructuras genéticas de éstas. Sólo en estos términos es que se puede pensar en una relación permanente entre propiedades de una población y sus genes, o estructuras genéticas. Tanto las poblaciones como los genes correspondientes así como las enfermedades a estudiar son considerados como inherentes, peculiares, ligadas al subgrupo. Hay una deriva que va de considerar las razas como clases naturales a considerar ciertas mezclas locales “definidas” como el mestizo mexicano como compartiendo esa propiedad de las clases

naturales con tener una estructura natural propia. De ahí una deriva siguiente, lleva a identificar mestizo con mexicano y a atribuirle al mexicano una biología natural, un genoma que lo esencializa.

Pero si tomamos en cuenta las muy diversas maneras en que se puede dividir a los mexicanos, así como el sin fin de factores involucrados en la delimitación de estas clasificaciones, podemos notar que no es tan fácil definir esas esencias genéticas. La manera tan arbitraria de definir una población y las características tan variables que son tomadas en cuenta ignoran la complejidad involucrada en ese tipo de clasificaciones. Dependiendo de la institución, o intereses en juego, estas clasificaciones poblacionales son variables en el tiempo y en el espacio geográfico. Dos ejemplos característicos que muestran eso son, por un lado, el simple hecho que de la fundación de las instituciones con sus objetivos propios, que no existían antes, y que se distinguen de muchos otros contemporáneos que generan realidades clasificatorias antes inexistentes. Es el caso de los ejemplos aquí antes presentados, el del INALI o del CDI, que tienen objetivos muy distintos y que, a su vez, usan categorías que se distinguen de clasificaciones más tradicionales ya establecidas como las de racismo y el mestizaje<sup>377</sup> que toma el INMEGEN como la caracterización objetiva de la población mexicana de mestizos.

Por otro lado, está el caso del estudio de la filogenia de un pueblo indígena o de una lengua indígena<sup>378</sup>. Ambas historias nos muestran el dinamismo y complejidad de este tipo de agrupamientos dependientes de factores tan diversos como la migración, los matrimonios, la situación política, socioeconómica, la alimentación. Lo que, a su vez, también nos muestra que no hay una relación directa uno a uno entre fenotipo, lenguaje y cultura. Haciendo evidente la complejidad de las

poblaciones mexicanas actuales y la dificultad de caracterizarlas como poblaciones con propiedades distinguibles propias para un estudio de medicina genómica. En especial es claro que la distinción del INMEGEN no es útil ni representativa de esta dinámica y complejidad de las poblaciones en México. Y de nuevo, la pregunta que queda es sobre la estructura genética de los mestizos mexicanos, modificándola ahora a: ¿es posible definir una estructura genética del mestizo mexicano basados en la categorización del INMEGEN?

Por último, y a manera de propuesta, tenemos nociones de clasificación que son más representativas de este tipo de casos como el de la definición de poblaciones humanas. Partiendo de los intereses del INMEGEN, tenemos que lo que se quiere es cuidar de la salud y la enfermedad del mexicano. Las preguntas que nos quedan por hacer son: ¿es necesaria la genotipificación de la población para cumplir con estos objetivos? ¿Son necesarias nuevas clasificaciones para el estudio de la salud y la enfermedad de la población mexicana? ¿Podemos afirmar que existen enfermedades nacionales aun cuando sabemos sobre la imposibilidad de establecer correspondencias uno a uno entre este tipo de etiquetas y estructuras genéticas?

Algunos autores consideran que si se tiene una población aislada geográfica y reproductivamente como es el caso de Islandia, este tipo de proyectos podrían ser fructíferos<sup>379</sup>. Pero ¿qué hacer con poblaciones como la mexicana? Si el objetivo es tener a costa de lo que sea tecnología de punta en el país, lo que queda es realizar una investigación exhaustiva de las diversas formas en que se clasifican actualmente los mexicanos, con el fin de encontrar poblaciones más representativas de la dinámica y complejidad de los mexicanos. La propuesta es sentarse a investigar para encontrar qué ti-



pos de clasificaciones son relevantes a un proyecto sobre medicina genómica ya que la del INMEGEN no funciona; con el objetivo de generar “información significativa” sobre las bases genéticas de una enfermedad<sup>380</sup>.

Una clase relevante<sup>381</sup> se define como una clasificación distinguida con base en intereses definidos en un contexto dado que, a diferencia de las diferentes nociones de clase natural, se valida por su utilidad al hacer inducciones y generalizaciones en el área que es requerida. Lo que implica la necesidad de deshacerse de la noción de clase natural y otras influencias esencialistas que no aportan mucho a la investigación<sup>382</sup>. Un ejercicio básico sería establecer cuestionarios en que se recoja la información pertinente a un análisis de genética de poblaciones en los que se busque conocer sobre las genealogías familiares, las historias clínicas, los hábitos alimenticios así como diferencias culturales y lingüísticas; en un amplio período de tiempo. Sólo así, olvidando el supuesto de una naturaleza esencial y ubicándose en los contextos pertinentes, dados los intereses propios, se puede iniciar una delimitación de clases o poblaciones humanas para el estudio de una estructura genética del mexicano. Lo que, a su vez, podría aportar nueva información y/o modificar la que ya tenemos sobre los pueblos indígenas y otras poblaciones consideradas como mestizas y al mismo tiempo, podría darnos luz sobre la relevancia de desarrollar o no un proyecto de medicina genómica. Como es el caso de las clasificaciones propias de la CDI o el INALI que podemos decir que son relevantes a sus intereses y objetivos.

---

**CAUSALIDAD Y VARIABLES SUBROGADAS;  
LA FRÁGIL EPISTEMOLOGÍA DE LA  
CONSTRUCCIÓN GENÉTICA DEL MESTIZO MEXICANO**

---

ALFONSO ARROYO SANTOS

*Introducción*

El proyecto de diversidad genómica de la población mexicana del Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), en su primera etapa (2004-2009) se sustentó sobre dos premisas fundamentales:

1. Que, debido a un proceso histórico particular existe, en el territorio llamado México, en la actualidad una población genéticamente diferenciada que puede capturarse usando el nombre de mestizo mexicano. Y
2. Que, debido a esta singularidad genética, el mestizo mexicano es susceptible a ciertas enfermedades y por ello, el estudio de la diversidad genética del mexicano permitirá desarrollar mejores medidas de prevención y tratamiento de dichas enfermedades.

En este capítulo se analizarán las dos premisas que sustentaron en ese período la existencia del proyecto de diversi-

dad genómica del INMEGEN y se argumentará que es imposible apelar a variables objetivas que permitan, tanto la creación de una clase particular para los mestizos mexicanos, como la identificación de los genes causales de enfermedades multifactoriales y poligénicas de alta incidencia en México. Para esto último utilizaremos el ejemplo de la diabetes tipo 2, la obesidad o ciertos tipos de cáncer.

Las enfermedades multivariadas sólo pueden ser estudiadas por medio de variables subrogadas. En este contexto, una variable subrogada es un indicador que sustituye a la variable objetiva dado que ésta no puede ser analizada, por muchas razones, de manera directa. Esta situación crea varios problemas epistémicos importantes pero en el caso que nos ocupa, es la reificación de la variable subrogada en el contexto de afirmaciones causales.

Reificar significa considerar un concepto abstracto como real<sup>383</sup>, pero en este contexto se tratará de considerar como dado lo que en el mejor de los casos tiene alguna probabilidad de ocurrir. Por ello, las expectativas promovidas por la investigación publicada en sus años iniciales por el INMEGEN, se mostrará que sus análisis sólo dan cuenta de variables subrogadas y que por lo mismo es incorrecta cualquier atribución histórica de origen racial y de morbilidad poblacional debido a etnicidad.

Dado que el discurso construido para justificar la investigación del INMEGEN no puede apelar a las causas en sentido estricto, ni de aquello que identifica a los mestizos mexicanos (sus marcadores genéticos únicos) ni de las enfermedades que le son comunes (sus elementos genéticos predisponentes), la convicción de estar en territorio firme debe tomar prestado *crédito epistémico* de aquellas áreas de conocimiento en que primero se construyó la noción de mestizo. Esto significa que para sustentar sus hallazgos genéticos, los investiga-

dores deben apelar a la historia, a la antropología, a la geografía y otras áreas en que se ha construido la noción de mestizo.

Así, se crea directa o indirectamente un círculo vicioso donde la genética-estadística es validada porque cierta reconstrucción histórica, geográfica o antropológica defiende la misma tesis. Esto provoca innumerables problemas pero en el trabajo presente se discutirán dos: 1) La creación de una dialéctica tautológica entre la genética y las humanidades molecularizadas, dado que la genética se sustenta en las humanidades para justificar sus hallazgos pero las humanidades molecularizadas se sustentan cada vez más en la genética para sustentar los suyos.

En este contexto, la expresión “humanidades molecularizadas” hace referencia a aquellas ramas de las humanidades que utilizan técnicas de la biología molecular como apoyo de sus investigaciones (por ejemplo, la antropología física). 2) Se cae en la reificación de teorías que en sentido estricto nunca recibieron apoyo empírico. Dado que nunca se da el paso que justifique la correlación matemática con la realidad del mundo, queda reificado (estipulado) que presentar tales y cuales alelos convierte al individuo en miembro de cierto grupo. Las consecuencias sociales de ser adscrito y después autoadscrito a un grupo o una clase a partir de marcadores biológicos determinados son conocidas<sup>384</sup> y por lo mismo, uno no puede dejar de criticar el propósito declarado del INMEGEN y otros sistemas de salud nacionales, de utilizar dicho conocimiento para dictar políticas de salud pública.

### *La construcción genética del mestizo mexicano*

El término mestizo fue dotado de respaldo genético, se genitizó una noción cultural identitaria en la que ha sido educado

un gran porcentaje de los mexicanos. El término *mestizo*, en México, no sólo da cuenta del intercambio genético entre indígenas, africanos y europeos a los largo de cinco siglos, sino que se convirtió en la base de la construcción de una identidad nacional a finales del siglo XIX y principios del XX.

En esta época se concreta el proyecto nacional de que los indígenas debían incorporarse a la nación (convertirse en mestizos) al abandonar su herencia cultural<sup>385</sup>. La dinámica social de tal empresa provoca que, para el siglo XXI, ser mestizo tenga varios significados que sobrepasan lo genético pero que, para fines del discurso genocentrista al que se adscriben los investigadores del INMEGEN, queden en el hecho de presentar ciertos marcadores moleculares.

El olvido de una parte fundamental de la historia provoca que aun sea cierto que los voluntarios de los estudios llevados a cabo por el INMEGEN se auto adscribieron como mestizos, esto es, que fueron libres de decidir a qué categoría pertenecían, nada queda sobre en qué sentido se reconocen como mestizos: en el sentido simple de ser mexicanos, de pertenecer a esas familias en que hubo un proceso de mestizaje biológico por siglos, o si existe la voluntad (identitaria) de pertenecer a cierto grupo biológico y culturalmente específico en el México actual<sup>386</sup>. Las implicaciones clasificatorias de estas diferencias son importantes y vuelven un misterio saber qué significan realmente las categorías y los resultados de los artículos publicados por el INMEGEN hasta la fecha sobre la genética de los *mestizos mexicanos*. No queda claro si verdaderamente se justifica la consolidación en el espacio científico de una clase llamada *mestizo*, o si sólo se está dando cuenta de una diversidad genética que se da entre todos los seres humanos.

A pesar de lo que se ha dicho hasta ahora, un defensor de los análisis genéticos podrá decir que aunque se desconozca

la historia en detalle, la huella genética de la historia biológica del mestizaje permanece. Con esto querría decir que un análisis cuidadoso bien puede mostrar las diferencias significativas que permitieran incluso separar a los grupos mestizos que lo son por el hecho de identificarse dentro de la mayoría de los mexicanos de aquellos que lo son por el intercambio genético de siglos sin importar qué identidad asumen. Sin embargo, esta visión genocentrista olvidaría que en el paso del dato molecular al resultado estadísticamente significativo se da una relación dialéctica entre lo que señala el experimento y lo que pretende justificar, defender, probar o descubrir el investigador<sup>387</sup>. En la siguiente sección se comentará un par de razones para dicha relación y se mostrará como la justificación de cualquier resultado estadístico descansa sobre un encubrimiento teórico que en este trabajo se llamará *crédito epistémico*.

### *Inferencia estadística y crédito epistémico*

Para comenzar, es importante darse cuenta que en genética, como en muchos otros campos de la ciencia, existe una diferencia importante entre datos y resultados. En el contexto de este trabajo se tomará por datos al conjunto de toda la información que arroja un experimento. Del conjunto de datos, habrá un subconjunto al que llamaremos resultados: aquel que el investigador o el grupo de investigación utilizará para defender una hipótesis, una teoría, o la construcción de un programa de investigación.

En genética, y gracias al desarrollo tecnológico, la diferencia en cardinalidad entre el conjunto de datos y el subconjunto de resultados es enorme. Tómese como ejemplo el

caso de la técnica experimental conocida como microarreglo. Brevemente, un microarreglo es un soporte sólido en el que se puede colocar miles de secuencias de ADN, de una o varias muestras, lo que, en principio, permite identificar un gran número de genes. Como, literalmente, el microarreglo puede generar miles de secuencias, es posible llevar a cabo varios experimentos en paralelo con lo que el cúmulo de datos es enorme. Aun así, lo importante es señalar que sólo una pequeña fracción de los datos se convertirá en resultado para defender, por ejemplo, que tales y cuales genes están involucrados en una enfermedad, o que tal y cual conjunto de genes permite dividir al ser humano en poblaciones distintas. Dado que sólo un subconjunto pequeño de los datos será utilizado, la manera en que se eligen, infieren o construyen los resultados se convierte en el paso crucial.

En la actualidad, el método más común de inferencia (selección, o construcción) de resultados es la estadística asistida con bioinformática. Por tanto, un aspecto fundamental del trabajo científico descansa sobre la premisa que la inferencia estadística es capaz de discriminar entre muchos datos aquellos que son verdaderamente relevantes. El tema de la inferencia es y ha sido muy importante para la filosofía de la ciencia. Gracias a ello, existen aportes muy valiosos en los que se da cuenta que *inferir* no es una mera cuestión formal donde baste hacer una inducción o deducción correcta a partir de ciertos datos. *Inferir* involucra un proceso en que se conjugan distintos elementos que se deben ponderar y que no son independientes como conocimiento previo, las creencias atrincheradas, aquello que se entiende por racional y aceptable en un momento determinado, las expectativas, los criterios de aceptabilidad, o la intuición personal, entre otros<sup>388</sup>. Desafortunadamente, en mucha de la investigación biomédica y biológica

actual, la noción de inferencia no se problematiza ni se vigila sino que pragmáticamente se ha reducido al de la inferencia estadística que se realiza mecánicamente. La posición es muy endeble dado que la inducción es siempre sólo un paso dentro de una red mayor de elementos inferenciales que juntos conforman la inferencia. A falta de cuidado con dicha red, se hace necesaria una estrategia retórica que defienda, justifique o apoye los resultados estadísticos automáticos sobre una suerte de rastro inferencial sustituto. A esta estrategia la he llamado construcción de crédito epistémico.

A continuación usaré esta idea para criticar las afirmaciones de que el análisis genético-estadístico puede justificar la existencia de una clase apoyada en variantes genéticas llamada mestizo mexicano. El argumento consta de dos partes: primero mostrar que la estadística *per se* y por tanto, los estudios del INMEGEN, no pueden justificar la existencia de una clase llamada mestizo mexicano. En la segunda parte, mostrar cómo se construye artificialmente un argumento que sostenga los resultados sobre la base de lo que llamo crédito epistémico.

### Probabilidad e incertidumbre

Todo análisis estadístico si ha de servir para establecer vínculos naturales relevantes, necesita como primer requisito básico, conocer la identidad de las variables involucradas, conocer el proceso fundamental detrás de ellas o basarse en una teoría robusta que permita hacer correlaciones no espurias. De la misma manera, se acepta que para fines del cálculo, existe un factor de azar involucrado. Aquí por azar se puede entender muchas cosas, por ejemplo: que se trata de una medida de lo que se ignora (si conociéramos las causas

verdadera no existiría el elemento azaroso)<sup>389</sup> o, al revés, que se trata de una propiedad de los sistemas dinámicos que nada tiene que ver con lo que sabemos<sup>390</sup> o incluso que se trata de un factor relacionado con el error experimental. En todo caso, el concepto de azar involucra un proceso que puede ser estudiado y calculado. Esto queda claro por ejemplo, en los juegos de azar, donde a pesar de no saberse con certeza qué mano de cartas tiene un rival, sí se puede calcular cuál será la más probable. Esto pasa porque sabemos de antemano cuáles son las reglas del juego, cuántas barajas hay en la mesa, cuántas cartas tiene cada baraja y la identidad de cada una de ellas. En un mundo donde todo es conocido, el análisis estadístico funciona perfectamente y es posible hacer cualquier tipo de cálculo.

Sin embargo, en el espacio de la genética poblacional, no se cumple el requisito básico. En este caso, hay incertidumbre hasta en los elementos más básicos, no sabemos bien a bien qué define un gen, cuáles son sus efectos, no sabemos cuántos están involucrados en un rasgo, a menudo no sabemos cómo se regulan, en los experimentos ocurre a veces que ni siquiera conocemos su identidad<sup>391</sup>. Por ello, el problema de los estudios genéticos no tiene que ver con el azar intrínseco de las variables (que sería el campo de aplicación de la estadística), sino con la incertidumbre<sup>392</sup>: no saber qué son, cómo son, cuántas son o cómo se relacionan dichas variables. En general, sabemos poco sobre aquello que permite dar el salto entre un conjunto, grande o pequeño, de secuencias de nucleótidos en el ADN y ser un mestizo de México, padecer diabetes tipo 2 o medir 1.90 metros. Dado que sortear ese tipo de incertidumbre no es tarea de la estadística, no sabemos, *a priori*, bien a bien qué nos dicen las correlaciones estadísticas en genética. Quizá muestren la pertinencia de una clase llamada mestizo

mexicano, pero quizá no. La opción que a menudo se toma como se discutirá más adelante, es justificar el resultado estadístico sobre la autoridad de otro campo.

De cualquier manera, asumamos que se cumple el requisito básico. Si es así, la estadística presume que la factibilidad de cualquier fenómeno sea natural, social, o de cualquier índole, puede ser calculado. Dicho cálculo se lleva a cabo con la llamada teoría de la probabilidad que estrictamente representa muchas escuelas de pensamiento distintas entre sí. Esto se debe a que *probabilidad* es un concepto polisémico en el que caben diversas interpretaciones para entender qué significa que un evento sea *probable*. Por ejemplo, es muy diferente entender un valor probabilístico como la relación entre el número de casos favorables sobre el total de casos posibles, que entenderlo como la frecuencia hacia la cual tiende un atributo en una secuencia repetible y aleatoria de experimentos. La primera opción es muy familiar, por ejemplo, la probabilidad de que al lanzar un dado se obtenga un seis es  $1/6$  porque se trata de una de seis posibilidades. En este caso, se asume de entrada que se conoce todo lo que puede pasar y que todo tiene la misma posibilidad de ocurrir. La segunda opción, llamada frecuentista, considera que el  $1/6$  representa el valor hacia el que tendería el hecho de sacar un 6 si se tirara el dado un número infinito de veces. Olvidemos el infinito número de veces y baste decir que para hacer el cálculo, una vez más hay que asumir de entrada que se conocen todas las opciones. Como ya se dijo, la genética y sus espacios de estados abiertos e inciertos, no parece propicia para este tipo de interpretaciones de la probabilidad<sup>393</sup>.

En campos como la genética poblacional biomédica, la discusión sobre la polisemia y sus consecuencias para la investigación científica de la probabilidad soslayada y por ello parece

incontrovertido que a ciertos valores probabilísticos que resultan del cálculo, la factibilidad de un evento sea muy alta. Tanto da si el cálculo se hizo con herramientas probabilísticas que tomen como base una u otra noción de probable. Sin embargo, decantarse por algunas opciones como las dos comentadas anteriormente, implica asumir al menos dos premisas que no se cumplen en el espacio genético bajo escrutinio. Por una parte, se sabe lo que por el momento se desconoce, y por otra, los atributos que se miden son el resultado de una serie, no digamos infinita, sino al menos muy grande de experimentos repetibles y aleatorios. Este último requisito, para el caso que se utilice la noción frecuentista de la probabilidad, no se cumple nunca dado que es muy difícil que un experimento y su cálculo asociado dado, se repita muchas veces<sup>394</sup>.

En resumen, la genética poblacional biomédica no cumple ni con las condiciones básicas para que el cálculo estadístico arroje resultados objetivos y robustos. Por ello, lo que tocaría sería apelar al contrafáctico y decir que si hacemos de cuenta que los procesos son azarosos y que realmente se hizo un gran número de experimentos repetibles y aleatorios, entonces el análisis estadístico nos indicaría algo relevante. Y a partir de ahí, utilizar otras técnicas que permitieran justificar que aquello que indicó la prueba estadística en condiciones ideales es relevante y no tan sólo una correlación espuria.

Analicemos ahora la relevancia de mi análisis para la publicación del grupo del INMEGEN de mayo de 2009<sup>395</sup>. La caracterización mestizo mexicano en ese trabajo se basó en las técnicas estadísticas de componentes principales, coeficiente de correlación de Pearson y el índice de fijación de Wright ( $F_{ST}$ )<sup>396</sup>. Sólo por poner un ejemplo, obsérvese que el análisis de componentes principales es una técnica matemática que transforma cierto conjunto de variables correlacionadas en otro con-

junto menor al que, en principio, se le borran los datos redundantes y repetidos para sólo dejar las variables informativas. Éste segundo conjunto recibe el nombre de componentes principales. La idea es que el componente principal agrupa variables relacionadas por lo que él mismo se convierte en una variable informativa. Pasa una vez más que el factor clave para el análisis es tener idea de qué son las variables y como podrían estar relacionadas ya que la interpretación de los componentes principales pasa por vincularlos con las variables originales. Con esto, la técnica de componentes principales es en realidad una heurística importante que permite hacerse idea de qué podrían querer decir ciertos resultados al destacar relaciones posibles. Como se ha enfatizado, sobre la heurística debería existir un segundo paso que mostrara la pertinencia de las relaciones destacadas por la estadística. En este caso, las relaciones visualizadas con esta técnica pretenden ser de mezclas genéticas de tres poblaciones “ancestrales”. En el caso del trabajo de Silva-Zolezzi y compañía, los componentes principales y otras técnicas estadísticas pierden incorrectamente su carácter heurístico para convertirse en métodos de inferencia de mezclas genéticas sobre los que se concluye la objetividad de una clase llamada mestizo mexicano y sus variantes regionales. La objetividad de esas particiones es, sin embargo, altamente cuestionable dado que está prendida con alfileres de supuestos marcadores de ancestría de supuestos mestizos que son la muestra y de inferencias estadísticas sin contraparte objetiva.

### *El crédito epistémico*

La estadística es una herramienta poderosísima que bien podría señalar el camino hacia hallazgos genéticos y poblacio-

nales interesantes. Para saberlo antes tiene que haber un segundo paso en que la variable estadística obtenga una identidad reconocida (un gen, una proteína, un algo) y se demuestre su vínculo (causal o su relación relevante) con el hecho de ser mexicano o de padecer tal enfermedad.

Desafortunadamente, en el espacio de los estudios del INMEGEN en sus años iniciales, las inferencias se redujeron a la mecanización bioinformática de la inferencia estadística. Dado que inferir es un proceso que involucra distintos elementos, los métodos de inferencia estadístico puramente técnicos son tan sólo un paso que permite destacar una serie de datos que, en el marco de una buena inferencia, tendrían que integrarse a una red mayor de elementos que juntos conformaran la inferencia. Ante la falta de dicha red, sólo quedan dos caminos posibles: o se acepta que la correlación estadística no es suficiente para justificar el resultado, o se adopta una estrategia retórica que defienda, justifique o apoye los resultados estadísticos sobre una suerte de inferencia sustituta, que oculta las carencias.

La tercera opción de pretender que una correlación estadística es suficiente para justificar un resultado es claramente muy mala. Basta pensar que sin el marco correcto, cualquier correlación puede ser interpretada de maneras muy diversas (ver recuadro)<sup>397</sup>. Por ello, la opción, atractiva a veces, es apelar al crédito epistémico para que el resultado estadístico parezca formar parte de una inferencia robusta. Para el caso puntual de los estudios publicados en 2009 por el INMEGEN, esto significa que para sustentar sus hallazgos poblacionales y genéticos, deben apelar a la historia, a la antropología, a la geografía y otras áreas. Así, el círculo se cierra dado que la estadística es validada por cierta reconstrucción histórica, geográfica o antropológica adecuado.

Si bien la estrategia parece caer dentro de la definición de inferencia válida (no parece haber nada raro en apoyar un estudio genético sobre la base de un conocimiento complementario proveniente de distintas áreas), obsérvese como el problema radica en que, ante la falta de una red mayor de elementos, la justificación de la genética médica poblacional es aquellos elementos del contexto que sirven ad hoc para sustentar lo que se asume: porque histórica, antropológica o demográficamente sucedió tal cosa, debe haber una clase (genética) llamada mestizo mexicano. Los análisis genético-estadísticos destacan cierta estructura, luego entonces tal estructura corresponde al mestizo mexicano porque correlaciona con lo que nos dice la demografía, la historia o la antropología.

El problema queda reflejado claramente en el artículo de 2009<sup>398</sup>. Por ejemplo, en la página 6 se destaca el hecho estadístico que las muestras provenientes del estado de Sonora al norte de México correlacionaron principalmente con los haplotipos europeos del proyecto HapMap (CEU). A continuación, la inferencia se redondea gracias a la historia de la que dicen: “Durante el período pre-hispánico eran más numerosos los grupos étnicos que vivían en el centro y sur de México y contaban con una cohesión política, religiosa y social más sólida que los grupos étnicos de la región norte. (...) En la mayoría de los análisis, (...) las muestras de regiones del norte se comportaron cercanas a los CEU, correlacionando con la densidad poblacional amerindia actual y pre-hispánica en esas regiones”.

Para encubrir la falacia, la inferencia sustituta toma elementos epistémicos (crédito) de otras áreas y apela a sus resultados, a sus teorías, o a sus hipótesis para justificar, apoyar o defender los resultados estadísticos. Algunas de las virtudes que redondean el argumento son:

- Robustez: los resultados obtenidos están justificados en virtud de que análogos resultados han sido obtenidos en otras áreas con metodologías distintas.
- Familiaridad: los resultados obtenidos están justificados en virtud de su parecido con el tipo de resultados obtenidos en otras áreas.
- Coherencia: los resultados obtenidos están justificados porque se ajustan a lo que sabemos.
- Poder explicativo: los resultados obtenidos están justificados porque permiten explicar las observaciones. Por ejemplo, la distribución de los rasgos fenotípicos de los mexicanos.
- Apoyo teórico: la evidencia obtenida en el campo a confirma una hipótesis de a en virtud de una teoría semejante de otra área (b). En el caso de los estudios del INMEGEN, la teoría confirmatoria puede venir de la demografía, la historia, la antropología, la filogenética,...

Aunque esta es una lista corta de fuentes de crédito epistémico, la idea es que sobre la base de estos elementos se muestre cómo el resultado estadístico forma parte de una red más amplia que constituye la inferencia<sup>399</sup>.

Gracias al crédito epistémico, se robustece un discurso en el que queda libre de sospecha la noción de mestizo genético mexicano. Y como parece ser que la existencia de tal clase es un dato *objetivo* de la genética, entonces los resultados quedan reificados. Esto es, se toman como ciertos resultados que en sentido estricto no han recibido apoyo empírico pero que vuelven incontrovertible que tales y cuales marcadores son propios del mestizo mexicano y por lo tanto, queda justificado usar ese sujeto colectivo para descubrir a la población de pacientes y realizar campañas de salud pública. De la misma ma-

nera, queda justificada la noción que hablar de mestizo es hablar de una entidad biológica homogénea fruto de lo que cuenta la historia y ratificada por la genética con lo que se crea una dialéctica tautológica entre las humanidades molecularizadas y la genética ya que la una se convierte en la base teórica de la otra, o lo que suena más espectacular, la una toma crédito epistémico de la otra. El camino para dicha situación comienza justamente con la reificación de una de las partes como se puede observar en el caso de aquellos modelos económicos que toman prestados elementos de la teoría de la evolución de Darwin y que luego regresan a la biología para explicar ciertas dinámicas biológicas según la teoría de juegos. Gracias a la dialéctica tautológica, también se puede ver y defender exactamente al revés: la teoría darwiniana toma crédito epistémico de la teoría de juegos para luego explicar por medio de la biología el porqué de ciertas dinámicas económico-sociales<sup>400</sup>.

En resumen: hasta este punto se ha demostrado que los resultados de los estudios genéticos poblacionales en general y los del INMEGEN en particular, son el resultado de una gran idealización que permite hacer de cuenta que se conoce lo suficiente de los procesos genéticos para hablar de procesos azarosos y cumplir con los requisitos mínimos para utilizar alguna noción de probabilidad. La idealización entonces, es una heurística que debe su importancia al papel que juega dentro del marco de una inferencia amplia donde se muestre como el dato probabilístico dice algo relevante del mundo. Cuando la heurística se convierte en la inferencia misma, se apela a una estrategia retórica en que el dato estadístico se vincula artificialmente a una red mayor de elementos proveniente de otras áreas con lo que el resultado queda reificado. Esto es justamente lo que pasa con la noción poblacional y genética de mestizo mexicano.



En genética poblacional cuando no existan elementos objetivos que permitan justificar la existencia de una clase como mestizo mexicano, bien pudiera ser, y de hecho así se discute en la literatura, que de cualquier manera la noción de mestizo pudiera servir como *variable informativa* para fines de diagnóstico médico. Esto, porque en principio hay evidencia a favor del vínculo entre ciertas enfermedades y un proceso complejo que tendría que ver con la genética y el estilo de vida no tan sólo a nivel personal, sino más importante aún, en un sentido más amplio que permitiría hablar, si no de razas, al menos de etnicidad o ancestría<sup>401</sup>. En la siguiente parte se discutirá la posibilidad de que si bien el mestizo mexicano no sea una clase natural, esto es, que no hay nada en la naturaleza que permita hacer tal distinción, bien pudiera servir para referir eficazmente una variable relevante para la práctica médica<sup>402</sup>.

### La promesa de la medicina genómica

El momento de mayor apogeo hasta hoy del mestizo mexicano poblacional genético, fue la publicación del artículo *Análisis de la diversidad genómica en las poblaciones mestizas mexicanas para desarrollar medicina genómica en México*, publicado en el volumen 106 de la revista PNAS en mayo del 2009. Baste mencionar que el entonces director del INMEGEN Gerardo Jiménez Sánchez, entregó un arcón con el artículo al presidente de México lo que en esencia simbolizó que hacia entrega del genoma del mestizo mexicano al pueblo de México<sup>403</sup>. El camino para llegar a tal momento fue bastante largo pero para centrarnos exclusivamente en lo más reciente digamos que la historia dio inicio con el lanzamiento del proyecto HapMap.

El proyecto de HapMap fue puesto en marcha en octubre de 2002 como heredero médico del proyecto del genoma humano<sup>404</sup>. Su misión era estudiar la variabilidad genética humana, su distribución geográfica y utilizar dicha información para comprender mejor la contribución genética de enfermedades tales como la diabetes, el cáncer, o el Alzheimer. Brevemente, el HapMap comparó las secuencias genéticas de diferentes grupos poblacionales humanos y buscó diferencias en las bases de nucleótidos. La diferencia más común que se puede encontrar en la secuencia de ADN de dos individuos es la sustitución de un nucleótido por otro; dicho cambio recibe el nombre de polimorfismo singular de nucleótido o SNP por su acrónimo en inglés. De hecho, los SNP's son responsables de cerca del 90% de la variabilidad genética humana. Ahora bien, la importancia de los SNP's es que, se sospecha que ciertas combinaciones de un número mayor o menor de SNP's estarían detrás, (o al menos, aumentarían grandemente la probabilidad) de padecer cierta enfermedad. La razón es que cierto conjunto de variantes explicaría una mayor susceptibilidad a alguna enfermedad. Por eso, cuando se habla de que x individuo presenta elementos genéticos que son factor de riesgo para tal o cual enfermedad, lo que se quiere decir es que tal individuo presenta un haplotipo que es estadísticamente más común entre individuos con tal enfermedad que entre personas que no la padecen. Un haplotipo es un bloque más o menos grande de elementos genéticos que tienden a aparecer unidos. El HapMap es así un mapa de haplotipos comunes en el planeta y su distribución por regiones.

El HapMap fue el resultado de un esfuerzo conjunto de diversos laboratorios a nivel mundial. Toda la diversidad genética humana se basó en las secuencias genéticas de 270 individuos que representaban cuatro poblaciones: Yoruba de Nigeria, japoneses del área de Tokio, chinos Han de Pekín y

estadounidenses de ascendencia europea. Evidentemente, la pregunta clave aquí sería: ¿Es suficiente estudiar cuatro poblaciones para representar toda la diversidad genética humana? Para ciertos fines, se dijo, es un buen comienzo.

Dos importantes artículos se hicieron justo esa pregunta<sup>405</sup>. En ellos se demostró que los haplotipos presentes en el HapMap también están presentes en gran medida tanto en poblaciones de origen europeo como de descendencia del este de Asia, pero no tanto en poblaciones poco vinculadas geográficamente a los grupos del HapMap. En estos casos, de Bakker y Conrad encontraron que es necesario incluir un mayor número de marcadores para representar correctamente la diversidad genética de estas poblaciones. Por supuesto que ésta es una buena motivación para un proyecto como el de la diversidad genética en México del INMEGEN.

Sin embargo, estos mismos estudios demostraron que otra dificultad con las poblaciones africanas y americanas es que son muy heterogéneas. Por ejemplo, Conrad descubrió que los Mayas comparten más haplotipos con los europeos occidentales que con otros grupos “americanos” muestreados (colombianos, Surui de Brasil y Pima de Arizona y norte de México<sup>406</sup>). En este caso, Conrad comparó las muestras con tres subconjuntos formados a partir de las cuatro poblaciones del HapMap (1. el de Europa occidental (CEU), 2. chinos Han más el japonés (HCJ), y 3. el Yoruba (Y)). A excepción de los Mayas, los colombianos, Pimas y Surui compartieron más haplotipos con el grupo HCJ.

La excepcionalidad maya también se da en el contexto de las poblaciones mexicanas. En este caso, Silva-Zolezzi y compañía comentaron: “Los mestizos de Yucatán constituyen el único grupo en nuestra muestra cuya contribución amerindia es principalmente maya. Los Mayas representan

un grupo étnico geográficamente distante de otros grupos amerindios mexicanos, y con marcadas diferencias culturales, sociales e históricas respecto a estos”.

Por si fuera poco, los mayas también destacaron en otro estudio en que se buscaba reconstruir, a través de la genética, la historia de cómo el ser humano pobló la Tierra<sup>407</sup>. En este caso, dicen los autores que el grupo colombianos fue el primer poblador del continente americano. El segundo grupo fueron los Pima tras los cuales “poblaciones americanas subsecuentes no tuvieron donantes no-amerindios, con excepción de los mayas quienes presentaron donantes Bantu y Toscano, debido presumiblemente, a mezcla post colombina”<sup>408</sup>.

Las distintas explicaciones en torno a la particularidad genética maya muestran lo difícil que es la interpretación de los datos genéticos cuando se presume una gran heterogeneidad tanto en lo genético como en lo social, y como, la mera inclusión de un mayor número de “marcadores” genéticos no es el factor relevante sino las distintas fuentes de crédito epistémico.

Por ejemplo, para justificar la excepción maya, Silva-Zolezzi y colegas se basa en la obra de Peter Gerhard *La frontera sur de la Nueva España* (1979), en tanto que Hellenthal y Conrad, siguieron los estudios genético-poblacionales de Cavalli-Sforza para fundamentar los suyos<sup>409</sup>. En la introducción de la obra de Gerhard se destaca el dominio territorial que ejercieron los Mayas en Mesoamérica durante su época clásica, y más tarde, el dominio que ejercieron otros grupos sobre el territorio maya. Con esto, resulta difícil entender qué quieren decir Silva-Zolezzi (et.al) con eso de que “[L]os Mayas representan un grupo étnico geográficamente distante de otros grupos amerindios mexicanos, y con marcadas diferencias culturales, sociales e históricas respecto a estos”.

Además, ya en la época colonial, Gerhard enfatiza la alta mortandad de los indígenas de la zona debido a enfermedades y conflictos bélicos, y la posterior recuperación de la población durante el siglo XVIII. Lo que no dice Gerhard, es si la recuperación de la población fue debida a mayas, a indígenas en general o a qué otro elemento. Sin embargo, gracias al recubrimiento con crédito epistémico uno podría justificar ya sea que se debió a la entrada de otras poblaciones; lo que explicaría la importante contribución europea de los mayas contemporáneos según Conrad, de Bakker y Hellenthal, o bien que se debió a una recuperación de las poblaciones Mayas y que el efecto cuello de botella producto de las epidemias y la guerra es lo que explica la particularidad de los Mayas contemporáneos con respecto a otras poblaciones amerindias.

Debido al uso de crédito epistémico ad hoc, una vez más queda la duda de qué tan frágiles pueden ser los análisis de Silva-Zolezzi, Conrad o Hellenthal más allá de la trivialidad que la correlación estadístico-genética siempre es mayor entre personas que viven en una misma región geográfica que entre aquellas que no<sup>410</sup>. Este hecho, por demás evidente, ha sido y es muchas veces mal interpretado para justificar incluso la existencia de razas cuando lo único que señala es la obvedad de que hasta hace muy poco la gente se casaba con los que tenía cerca. Que éstos compartan un mayor número de haplotipos en comparación con otros individuos de ninguna manera justifica decir que los mayas son una población separada genéticamente de modo claro y tajante, los zapotecas de Oaxaca otra, los españoles otra y los franceses una más. En la lógica territorial, resultaría que uno podría encontrar poblaciones distintas de pueblo en pueblo, de ciudad en ciudad o llevándolo al absurdo, de colonia en colonia, más en una ciudad tan dispar en lo social, cultural y geográfico como el DF.

### Genética y variables subrogadas

A pesar de los problemas asociados al estudio de muestras genéticas americanas, por un momento hagamos de cuenta que, si se pudiera contar con un número suficiente de marcadores genéticos propios de los mestizos mexicanos, sería posible construir una variable relevante que sirva de base a pruebas para la práctica médica por aquello de que algunas enfermedades están vinculadas con algo asociado a la etnicidad y que vincula genética con estilo de vida. A continuación se criticará esta idea pero antes hace falta introducir un último término técnico: el de *variable subrogada*.

En el contexto de este capítulo se entenderá que una variable subrogada en una pesquisa científica, es aquella que representa a otro conjunto de variables de cardinalidad desconocida que se llamará el conjunto de las variables representadas. A pesar de no conocerse el número de las variables representadas, lo que sí se sabe es que todas ellas cumplen una función dentro de un proceso. Dado que no conocemos ni el número, y muchas veces tampoco la identidad de las variables representadas, el proceso de interés es evaluado, medido, explorado, a través de la variable que sí conocemos y podemos rastrear que en este sentido *subroga* a todas las demás. Este vocabulario es desconocido en genética biomédica pero es utilizado en los estudios de biodiversidad<sup>411</sup>.

Viene a cuento porque los estudios de biodiversidad enfrentan problemas análogos a los que el estudio de enfermedades de origen multifactorial: la biodiversidad de una región habla del conjunto de todos los animales, todas las plantas, todos los insectos, todos los genes y de todas las relaciones entre animales, plantas, personas, clima,... de una región. Como es imposible siquiera conocer con precisión los detalles

de cada uno de estos conjuntos, los modelos utilizan un número manejable de variables medibles y que subrogan éstos conjuntos. Lo mismo pasa en el estudio de enfermedades complejas y aunque no es una manera de hablar propia de la genética molecular, es una buena herramienta conceptual para discutir los alcances y límites de la medicina genómica.

Brevemente, la idea básica es que una variable subrogada agrupa bajo una misma etiqueta diferentes procesos y entidades. Gracias a esta capacidad de agrupación, si está bien construida y si su representatividad es robusta, la variable gana numerosas virtudes epistémicas como por ejemplo, poder explicativo, empírico o unificadorio. De la misma manera, y dado que los procesos biológicos son multifactoriales y no dependen de una sino de muchas causas a diferentes niveles, una buena variable subrogada tendría que ser capaz de agrupar varias causas en una sola convirtiéndose así en un concepto científico potentísimo. La variable subrogada confiere muchas ventajas a la investigación genética pero a cambio, y como se verá con el caso de la diabetes, abre la puerta a que sus innumerables virtudes provoquen la reificación de la variable subrogada, que eclipsa indebidamente en lugar de enfatizar la importancia de aquello que subroga.

### *El caso de la diabetes tipo 2*

La diabetes tipo 2 es una enfermedad multifactorial que representa un problema de salud importante en todo el mundo: el número total de personas con diabetes se espera llegue a 366 millones para el año 2030.<sup>412</sup> En este sentido, la diabetes puede ser considerada mucho más como epidemia global que como un problema nacional particular de países

como México. Sin embargo, como en el caso particular de los mexicanos, esta enfermedad ha pasado a convertirse en un problema de salud pública; se hipotetiza que la estructura genética del mestizo mexicano fuese de alguna manera, condición que predispone para padecer diabetes tipo 2.

A pesar de ser vista esencialmente como una enfermedad que afecta la absorción de glucosa mediada por insulina, la diabetes tipo 2 es una enfermedad compleja que involucra a las células betapancreáticas, a la absorción periférica de la glucosa en músculo, a la secreción de múltiples citosinas y hormonas, al funcionamiento del hígado y al sistema nervioso central<sup>413</sup>. De este panorama puede ser visto que su contribución genética no está limitada a una lista restringida de variantes genéticas o a un puñado de genes, sino a muchos factores genéticos, epigenéticos y a diversas combinaciones de estos cuya acción conjunta determina tanto la presencia como la severidad de la enfermedad. Es aquí donde la noción de variable subrogada entra en juego dado que si bien no se conoce toda la red de elementos causales de la diabetes, sí que se conocen algunos elementos que bien pudieran, para fines de predicción e incluso de tratamiento, subrogar al resto.

En el caso del estudio de enfermedades genéticas, la variable subrogada es llamada *gen* o *haplotipo de riesgo* dado que dicho haplotipo, y lo que sea que subrogue, es estadísticamente más común entre individuos que padecen diabetes tipo 2 que entre aquellos que no.

Siguiendo esta línea de pensamiento, uno supondría que entre más genes de riesgo y combinaciones perniciosas de estos se conocieran, la confiabilidad de un pronóstico genético potencial sería mayor. Sin embargo, para el caso de la diabetes tipo 2, a la fecha ya se han descrito 18 genes de ries-

go y se ha visto que presentar 5 ó 15 de ellos no altera la probabilidad de algún día padecer diabetes<sup>414</sup>.

De cualquier manera, hay que decir que sí existen ciertos haplotipos cuya presencia vuelve más probable padecer diabetes tipo 2 como por ejemplo, TCF7L2<sup>415</sup>. Aun así, TCF7L2 no sirve, por él mismo, como medida de diagnóstico ya que, como arguye Dickinson (2006), incluso aquellos portadores del haplotipo clave de TCF7L2, apenas verían su riesgo de padecer la enfermedad aumentar de 33 a 38%. (Esto es, la probabilidad de padecer diabetes dado que se reúne cierto perfil y además se presenta el TCF7L2 aumenta de 33 a 38% en comparación con no ser portador del haplotipo.)

TCF7L2 es una verdadera variable subrogada dado que, aunque se desconocen los mecanismos de acción de este componente genético y por tanto cómo incide en el desarrollo de la diabetes tipo 2, se le ha vinculado con problemas varios en la secreción de insulina, del efecto de la incretina y en la expresión de otros genes que tendrían que ver con la actividad de los islotes de Langerhans<sup>416</sup>. Con ello se muestra que el valor del gen de riesgo, más que por ser un factor causal de la diabetes, tiene que ver con las variables que subroga y que permiten que un solo indicador diga algo relevante sobre la enfermedad. Por ello, quizá lo que haga falta sea descubrir, construir o inferir un mayor número de buenas variables subrogadas que permitan, si bien no entender todo lo que hay detrás de la diabetes tipo 2, al menos servir como método diagnóstico.

En este aspecto, es importante notar que para descubrir los factores genéticos de riesgo, normalmente se hacen estudios que reciben el nombre de “estudios de asociación de genoma completo” (GWAS, por sus siglas en inglés). Los GWAS permiten estudiar la variación genética a lo largo de

todo el genoma con lo que se puede explorar la posible correlación entre la enfermedad y las variantes genéticas distribuidas en todo el genoma. A pesar de la popularidad perfectamente comprensible que rodea a los GWAS, pasa que una vez más, el desarrollo técnico no vino acompañado del desarrollo teórico pertinente y quedan muchas preguntas en el aire. Por ejemplo, la atribución causal a cierto elemento genético se puede hacer demasiado a la ligera, si no se toma en consideración otros tipos de regulación tales como la epistasis, la regulación de la expresión genética por productos de ARN o por la contribución de factores ambientales, o si los genes destacados tienen que ver con la diabetes pero no con procesos fisiológicos normales que tengan que ver con la absorción de glucosa.

Dadas estas consideraciones, los estudios publicados que utilizan GWAS tienen mucho cuidado con las palabras pues saben que, por ejemplo, correlacionar una región cromosómica con el hecho de padecer diabetes tipo 2, no es lo mismo que decir que han identificado un elemento genético, o gen causal. Saben, por ejemplo, que debido al desequilibrio gamético el supuesto factor causal podría ser uno de diversos alelos, o que la región señalada podría indicar no un factor causal en absoluto sino un elemento regulador asociado a tal factor, o quizá, podría haberse detectado una región no codificante (esto es, podría no tratarse de un gen). También es bueno recordar que el concepto de gen no es claro, su semántica es compleja y variable, y ni los filósofos ni los científicos se han podido poner de acuerdo en una definición única<sup>417</sup>.

Otro problema con los GWAS tiene que ver con el gran número de datos. La misma probabilidad muestra que la mayoría de las asociaciones observadas serán irrelevantes. Aquí también, el concepto de variable subrogada nos ayuda a enfocar el

problema porque representa no tan sólo una red más amplia de elementos sino una red de relaciones no lineales. Dado que la variable subrogada es analizada por medio de la estadística tradicional (covariación, valores de significancia de, por ejemplo, componentes principales,...), la verdadera información de la variable es destruida ya que en el paradigma genocentrista, la variable es un gen de comportamiento lineal y no una red compleja regulada por elementos genéticos y no genéticos donde lo mismo entran ARN's distintos a los del factor genético atendido; como el ambiente, la forma de vida, la ingesta calórica y una gran variedad otros elementos causales ligados a la diabetes tipo 2 que por ahora ignoramos.

En resumen, la idea de variable subrogada nos hace destacar una entidad científica importante en algunos aspectos epistémicos debido a su capacidad para agrupar distintas entidades, procesos y causalidades bajo una misma etiqueta. Esto le confiere un gran número de virtudes epistémicas pero a cambio, la variable puede indebidamente reificarse como señal de procesos, entidades o causalidades ilusorias que ocultan los fenómenos naturales reales más complejos.

En el caso puntual de la medicina genómica y la diabetes tipo 2, la construcción de variables subrogadas mantiene la ilusión de que existe una relación lineal y aproblemática entre los elementos genéticos y la enfermedad multifactorial. Además, también promueve la noción de que una serie de marcadores bien pudiera servir de diagnóstico dado y que ser portador de ciertos haplotipos es una condición necesaria para padecer algún día diabetes tipo 2. El problema es que la variable genética subroga diferentes procesos genéticos y no genéticos, que al ser ignorados, nada dicen sobre cuáles son las verdaderas causas (o combinaciones de causas) de la diabetes tipo 2.

Dada la primacía del aspecto genético de una variable multifactorial, se crea la justificación de que existirían marcadores propios de, por ejemplo, los mestizos mexicanos que darían cuenta de la alta incidencia de ciertas enfermedades en la población mexicana. Como en realidad el hecho de correlacionar una variable subrogada (en este caso genética) con padecer diabetes no dice casi nada sobre la enfermedad, una vez más se hace necesario apelar al crédito epistémico para redondear el argumento. Por ejemplo, se puede apelar a los estudios epidemiológicos que muestran el vínculo entre ciertas enfermedades y etnicidad. En este caso, la anemia falciforme, el Tay-Sachs o la fibrosis quística saltan a la palestra a pesar de que pueda argumentarse otro tipo de cuestiones biológicas más allá de la genética para explicar la prevalencia de estas enfermedades en ciertos grupos humanos<sup>48</sup>.

Lo cierto es que hasta la fecha, para el caso de la diabetes, no existe aún un argumento razonable que explique porqué los mestizos mexicanos (suponiendo que tal clase o grupo genético existiera) o cualquier otro grupo, serían genéticamente más propensos a padecer diabetes tipo 2 que otros grupos como se ha hipotetizado<sup>49</sup>.

### *Para terminar hay que regresar al principio*

Las dos premisas fundamentales de la investigación en genética poblacional del INMEGEN en su primera etapa (2004-2009) fueron:

- I. Que debido a un proceso histórico particular, existe en la actualidad una población genéticamente diferenciada que puede referirse con el nombre común de mestizo mexicano. Y

2. Que debido a esta singularidad genética, el mestizo mexicano es susceptible a ciertas enfermedades y por ello, el estudio de la diversidad genética poblacional del mexicano permitirá desarrollar mejores y específicas medidas de prevención y tratamiento de dichas enfermedades.

Con ello, el argumento hasta aquí desplegado puede resumirse así:

1. Si bien la ideología del mestizo mexicano está enraizada en la cultura contemporánea del país, su contraparte genética es una realidad bastante debatible.
2. La noción de mestizo mexicano es inmanejablemente polisémica. Si se mezclan cuestiones genéticas, demográficas, culturales, antropológicas en un mismo espacio descriptivo sin la necesaria fineza y conocimiento, los resultados seguramente serán pobres y confusos. La pretensión de convertir al término mestizo en una clase definida genéticamente aplicable a una mayoría de mexicanos, o a varias subpoblaciones de mestizos mexicanos no parece un proyecto bien encaminado. En el artículo de Silva-Zolezzi se muestran mucha indecisión sobre este asunto, lo que apenas es natural.
3. Esta heterogeneidad conceptual vuelve difícil encontrar un conjunto mínimo de variables significativas para investigar la estructura genética poblacional de los mexicanos.
4. Aun cuando la estadística (con muestreos adecuados) pudiera encontrar dichos marcadores, las correlaciones estadísticas (heurísticas) podrían señalar hallazgos interesantes pero para saberlo, antes tendrían que integrarse a una red más amplia de elementos y factores poblacionales o causales que consolidaran las inferencias en que

- demostrarán vínculos o relaciones relevantes entre dichos marcadores genéticos con el hecho de ser mestizo mexicano.
5. Como la estadística (y su parafernalia bioinformática) por ella misma no puede justificar el tipo de conclusiones a las que se aspira, para sustentar sus hipótesis, los investigadores del INMEGEN han debido tomar crédito epistémico de la historia, la antropología, la geografía y de otras áreas en las que tiene sentido la noción de mestizo. Así, el círculo se cierra dado que la estadística es validada porque cierta reconstrucción histórica, geográfica o antropológica defiende la misma tesis.
  6. Esto provoca innumerables problemas: por ejemplo, se crea una dialéctica tautológica entre la genética y las humanidades molecularizadas, dado que la genética se sustenta en las humanidades para justificar sus hallazgos pero las humanidades se sustentan en la genética para robustecer los suyos. Además, se cae en la reificación de elementos explicativos parciales y sintéticos que en sentido estricto nunca recibieron apoyo empírico.
  7. La perversión de este asunto queda aún más evidente cuando se acopla al estudio de variables subrogadas en el contexto de ciertas enfermedades. Dado que la variable subrogada representa y sintetiza diferentes entidades, procesos y causalidades (inaccesibles de otro modo) en una sola etiqueta, se corre el riesgo de que el valor epistémico de la variable la haga verse no como un indicador sino como el factor causal realmente explicativo. Esto puede pasar comúnmente en los estudios genómicos dado que se privilegia el aspecto genético de una variable multifactorial.
  8. Sin embargo, dado que en realidad se trata de una variable que subroga distintos elementos, pasa que en sentido

estricto no se conocen las (combinaciones de) condiciones necesarias y suficientes para desarrollar enfermedades como la diabetes tipo 2. Una vez más se recurre al crédito epistémico.

Las numerosas acrobacias argumentativas necesarias para sustentar tanto la existencia de una clase particular de seres humanos (los mestizos) como su vínculo con ciertas enfermedades, hacen pensar si la correlación relevante en términos de prevención y mejora de la salud de los mexicanos, no es la que vincula la obesidad o la diabetes con ciertas variantes genéticas, sino la que los correlaciona con el deterioro socio-económico del país y la creciente malnutrición asociada<sup>420</sup>.

---

## NOTAS

---

### INTRODUCCIÓN

1. Comunicado de prensa no. 083, 14/04/03.
2. *Loc. cit.*
3. *Loc. cit.*
4. G. Jiménez Sánchez, et ál., "Genomic medicine in Mexico: Initial steps and the road ahead", *Genome Research*, p. 853.
5. Comunicado, *óp. cit.*
6. *Loc. cit.*
7. G. Jiménez Sánchez, et ál., "Hacia el Instituto Nacional de Medicina Genómica", Informe de Actividades
8. G. Jiménez Sánchez, "Guillermo Soberón, medicina genómica", *Revista de la Universidad*.
9. G. Jiménez Sánchez, "Descifra el mapa genómico de los mexicanos", *Contenido*.
10. G. Jiménez Sánchez, "Guillermo Soberón...", *óp. cit.*
11. *Loc. cit.*

### MÉXICO MESTIZO: DE LA INCOMODIDAD A LA INCERTIDUMBRE. CIENCIA Y POLÍTICA PÚBLICA POSREVOLUCIONARIAS

12. Parafraseando el título del libro de Patricia Funes, *Salvar la nación. Intelectuales, cultura y política en los años veinte latinoamericanos*.
13. La reconstrucción biográfica de la mestizofilia realizada por A. Basave, *México mestizo*, continúa siendo la obra cumbre en este sentido.
14. Patricia Funes, *óp. cit.*; M. G. Miller, *Rise and fall of the cosmic race. The cult of mestizaje in Latin America*.
15. Utilizo la noción de « etnicidad » para aludir a la pretendida síntesis racio-cultural obrada por el indigenismo, como estrategia de construcción de una base social homogénea de la nación.
16. A. Molina Enríquez, *Los grandes problemas nacionales*.
17. Así lo planteó Pimentel, en *Memoria presentada al Emperador Maximiliano, sobre las causas que han originado la situación actual de la raza indígena de México y medios de remediarla* (cfr. Molina Enríquez, *óp. cit.*, pp. 260-261).
18. Vicente Riva Palacios, *La conquista de México*, pp. 296-299; Martín Garatuzza: *memorias de la Inquisición*.



19. A. Benítez, *óp. cit.*, pp. 32.
20. Sobre las ideas raciales de Riva Palacios, véase Frida Gorbach, *Los indios del Museo Nacional...*, p. 60.
21. Justo Sierra, *Evolución política del pueblo mexicano*, Alicante: Biblioteca virtual Miguel de Cervantes, s.p.
22. Esta lectura de la historia de México la expone en *El evangelio de una nueva reforma*, *Ibíd.*
23. Siguiendo la noción de “fuerza formatriz interna” de Haeckel define a la raza: “una raza no es, en suma, más que un conjunto de hombres que por haber vivido largo tiempo en condiciones iguales de medio, han llegado a adquirir cierta uniformidad de organización, señalada por cierta uniformidad de tipo.” Dentro de estas diferenciaciones raciales, que determinan “fuerzas sociales de origen plenamente orgánico”, se establece el mestizaje a partir de “las afinidades y atracciones mutuas que determinan entre todas las unidades de una zona lo que hemos llamado la *cohesión social*, que determina a su vez con todas, la formación de un conjunto en que nacen y se establecen esas relaciones de armonía que hacen del todo un organismo y que forman el objeto preciso de la *Sociología*”. A. Molina Enríquez, *óp. cit.*, pp. 36.
24. *Ibíd.*, pp. 54.
25. *Ibíd.*; Véase una síntesis en A. Benítez *óp. cit.*
26. *Ibíd.*, pp. 258-259.
27. F. Gorbach (2008); U. Horcacitas, “Indígena y criminal: interpretaciones del derecho y la antropología en México; Medir y civilizar”, *Ciencia*, no. 60-61; “Fisiología y moral en los estudios sobre las razas mexicanas: continuidades y rupturas (siglos XIX y XX)”, *Revista de Indias*, no. 234, pp. 355-374.
28. Quizá el mejor esfuerzo en este sentido sea de Manuel Gamio, *Forjando Patria*.
29. Para un recuento de la historia de la eugenesia en México, véase M. Saade, *El cultivo racional el pueblo. La Sociedad Mexicana de Eugenesia, 1931-1935*; L. Suárez y López Guazo, *Eugenesia y racismo en México*.
30. Es reconocida la experiencia formativa de Manuel Gamio con Franz Boas, véase Horcacitas *Indígena y criminal: interpretaciones*; “Walsh Eugenic Acculturation: Manuel Gamio, Migration Studies, and the Anthropology of Development in Mexico, 1910-1940”, *Latin American Perspectives*, vol. 31, no. 5, pp. 118-145
31. Quizá la obra que mejor recoge este tono característico del indigenismo Gamio, sea su reconocido “Estudio del Valle de Teotihuacán” (Gamio, *La población del Valle de Teotihuacán*. México: Instituto Nacional Indigenista). Para un análisis detenido véase Scott, *México Indígena: indigenism and the paradox of the nation, 1915-1940*, Tesis doctoral, Universidad de Nueva York.
32. Andrés Medina, « La cuestión étnica y el indigenismo »: García Mora, 1987-88, T. 4, p. 717. Gamio caracteriza así “el problema indígena”: “la población indígena, ha quedado disgregada del conjunto nacional y constituye un elemento obstaculizador por su pasividad, debiéndose esta condición de equi-

- librio social inestable, a que el indio no puede o no quiere, con toda justicia, colaborar con la eficiencia de que es capaz, ya que las mismas constituciones y leyes que forzadamente lo rigen, vedan, por exóticas e inapropiadas, su desenvolvimiento”. (Manuel Gamio, *Forjando Patria*, p. 73) Por esta razón el “problema indígena” lo concretó en la elaboración de una tipología indigenista, que volvía sobre los mayas rebeldes de Quintana Roo o “indios salvajes” (10% de la población); los norteños o “semisalvajes” (17%) que ya mostraban signos de desarrollo y a los que habría que favorecer para que continuaran su evolución “espontánea”; y finalmente los “zapatistas legítimos” morelenses, de raza pura y mezclada, incorporados a la vida de los blancos (30 al 40%) (*Ibíd.*, p. 171-178).
33. Para una descripción minuciosa del indigenismo que proponemos aquí, véase Saade, *El mestizo no es de color. Ciencia y política pública mestizofilas*.
34. Véase para el siglo XIX, Horcacitas, “Indígena y criminal: interpretaciones...”
35. La puericultura, se entiende como “el cuidado científico del niño” y la homicultura fue acuñada por el médico y eugenista Domingo F. Ramos, como la ciencia que ampliaba el cuidado del niño a la atención del individuo desde la fase anterior de su nacimiento hasta su muerte.
36. Entre otros escritos que documentan esta esperanza anclada en las teorías modernas de la herencia, logrando sintetizar posiciones comunes, están: Rulfo José F., “Genética de la herencia como problema de eugenesia”: *Eugenesia*, T. I, No. 9, julio (1940) pp. 2-15; Rafael Carrillo, “Tres problemas mexicanos de eugenesia”: *Puericultura*, No. 25, noviembre (1932), p. 9.
37. Para una discusión crítica sobre la noción de herencia desde la historia de la ciencia, véase López Beltrán, *El sesgo hereditario, Ámbitos históricos del concepto de herencia biológica*. Para una lectura de la época, véase José G. Monroy, “El problema de la herencia en la tuberculosis”: *Eugenesia*, No. 14, noviembre 15 (1932), p. 1; Samuel Villalobos, “Algunas consideraciones acerca de la herencia de ciertas enfermedades en relación con el problema eugénico”: *Pasteur*, No. 1, julio (1932), p. 15.
38. Rafael Carrillo, “Aspecto médico-social de la maternidad consciente”, p. 367-378.
39. E. Urzaíz, *Eugenia. Esbozo novelesco de costumbres futuras*, p. 7-8.
40. *Ibíd.*, p. 9.
41. *Ibíd.*, p. 62.
42. *Ibíd.*, p. 178.
43. “The assumption of equality [afirmaba Davenport] which was considered a fundamental principle of democracy is as false as its assertion is justified only on the ground of political expediency. Fortunately for civilization [...] no two individuals are alike structurally, physiologically, mentally and temperamentally” Davenport, (1940, p. 43, traducción Marta Saade).
44. Véase Suárez y López Guazo, *óp. cit.*, capítulo 2.
45. A. Saavedra, “Problemas eugénicos”, (folleto) México: s.e., p. 13.

46. Antonia L. Ursúa, "Mensaje radiado al Comité de Eugenesia de Aguascalientes": *Eugenesia*, pp. 16-17.
47. Además formaban parte de la Academia Nacional de Medicina y la Sociedad Mexicana de Biología; la Sociedad Médica Franco-Mexicana; la American Public Health Association, entre otras de Argentina, Cuba, Brasil, Guatemala y Perú. Algunos fueron docentes universitarios. (La biografía de los médicos fue reconstruida en la sección biográfica de la revista *Eugenesia* (No. 37, 36, 29, 33, 21, 28 y 25, de 1933 y 1934); cotejada y complementada con el *Diccionario Porrúa de historia, biografía y geografía de México*, con documentos de archivo para el caso de Samuel Villalobos (AHSSA, SPA, EPL, caja 75, exp. 15, f. 6) y A. M. Saavedra (AHSSA, SPA, EPL, caja 65, exp. 5, f. 1), y con bibliografía. (José Álvarez Amezcuita et. al. (1960), *Historia de la salubridad y de la asistencia en México*, México, Secretaría de Salubridad y Asistencia).
48. Laura Cházaro, "Regímenes e instrumentos de medición: Las medidas de los cuerpos y el territorio nacional en el siglo XIX en México", *Nuevo Mundo Mundos Nuevos*.
49. López Sánchez, "La mirada médica y la mujer indígena en el siglo XIX", *Ciencia*, UNAM, pp. 44-49.
50. Véase Asclepio, *Revista de historia de la medicina y de la ciencia*
51. Guillermo Sánchez, "Nacionalismo y racismo en el México decimonónico. Nuevos enfoques, nuevos resultados", *Nuevo Mundo Mundos Nuevos*.
52. *Loc. cit.*
53. Gamio, *Forjando Patria*. México, Editorial Porrúa p. 129.
54. *Ibíd.* pp. 118-132.
55. *Mensajero de Salud*, 15 de mayo de 1922, T. I, No. 1, p. 3.
56. Para un seguimiento a la campaña para implantar el certificado médico prenupcial obligatorio, véase, Saade, *El cultivo racional el pueblo. La Sociedad Mexicana de Eugenesia, 1931-1935*. Tesis de Maestría en Historia y Etnohistoria, México; y sobre los proyectos para implantar la educación sexual escolar, Arteaga, *A gritos y sombreros. Historia de los debates sobre educación sexual en México 1906-1946*. México, Miguel Ángel Porrúa - Universidad Pedagógica Nacional.
57. Estas palabras inauguran las páginas del *Mensajero de Salud* (T. I, No. 1, 15 de mayo de 1922, p. 5).
58. Stern, "Mestizofilia, biotipología y eugenesia; hacia una historia de la ciencia y el Estado", *Relaciones*, 21, p. 214-215.
59. *El Niño*, noviembre (1935), V. I, No. 1.
60. AGN, CTMI, caja 1, exp. 1192 (1927-1929).
61. Otro caso similar es el de Elena Ortiz, con herencia alcohólica y artrítica, con estigmas degenerativos escasos y diagnosticada como blenorragia (AGN, CTMI, caja 1, exp. 1192 y 449).
62. Felipe: AGN, CTMI, caja 7, exp. 3534; Francisco: AGN, CTMI, caja 15, exp. 5479.
63. Digo « expertas » porque aún el trabajo social y la psicología no habían sido profesionalizadas.

64. Francisco Valenzuela, *La inmigración y colonización en México*. Estudio de adaptación, p. 25.
65. Ferretis, ¿Necesitamos migración? Apuntes para un libro sobre el problema básico de México, Se trata de dos argumentos reiterados por los médicos eugenistas: "México, insistimos, necesita poblarse, es urgente para su propia economía que nuestro país se pueble, pero con una población seleccionada" (*Eugenesia*, junio de 1940, T. I, No. 8, pp. 1-2). Andrés Landa y Piña, desde el departamento de Migración, reitera en 1935 varios de estos argumentos: "México es un país de población escasa, heterogénea y en gran parte atrasada cultural y económicamente" (con una densidad demográfica de 8.41 por km<sup>2</sup>, con 1/3 de población indígena, con un 31.21% de población económicamente activa y frente a la cual los extranjeros significaban el 1% de la población (Landa y Piña, *Política demográfica estatuida en el Plan Sexenal*, p. 4-5).
66. Francisco Valenzuela, *La inmigración y colonización en México*. Estudio de adaptación.
67. Landa y Piña, *óp. cit.*, p. 14.
68. "Ley de Migración de los Estados Unidos Mexicanos", 1926, *Diario Oficial de la Federación*, No. 12, marzo 13, México, Secretaría de Gobernación.
69. Oficio enviado por el Jefe del Departamento ante una consulta sobre las leyes migratorias (3 de febrero de 1930, AHINM, 4/360/7390)
70. Estaba conformado por representantes de las secretarías de Industria, Comercio y Trabajo, Relaciones Exteriores, Salud Pública, Hacienda y Crédito Público, Educación Pública, Gobernación, y Agricultura y Fomento; y por el Departamento de Estadística Nacional (AHINM, 4/350/2, 1930).
71. Ley de Migración de los Estados Unidos Mexicanos (1930) *Diario Oficial de la Federación*, No. 53, agosto 30, México, Secretaría de Gobernación.
72. Reglamento de la Ley de Inmigración de los Estados Unidos Mexicanos (1930), art. 6 Cap. X.
73. AHINM, 4/350/2, (1934).
74. *Ibíd.*
75. Esta discusión sobre la inmigración de menonitas con respecto al ideal « latino » fue desarrollada en el Consejo Consultivo de Migración, el 4 de noviembre de 1932 (AHINM, 4/350/448).
76. Landa y Piña, *óp. cit.*, p. 4 - 5.
77. "Ley General de Población", 1936, *Diario Oficial de la Federación*, No. 52, agosto 29, México, Secretaría de Gobernación, art. 74 y 7, respectivamente).
78. AHINM, 4/350/710, 1938.
79. Instrucciones para el establecimiento de las Tablas Diferenciales (AHINM, 4/350/533, 1938).
80. Para los españoles, están las actas del Consejo en: AHINM, 4/350/710, 1938; 4/350/724, 1938.
81. Memo dirigido a la Secretaría de Gobernación, sobre los criterios que deben regir las tablas diferenciales aplicables en 1939 (AHINM, 698, 4/350/710, 1938).
82. Carta de la Asociación Nacionalista de los Estados Unidos Mexicanos

a la Secretaría de Gobernación (AHINM, 4/350/710, 1938). Incluso llegaron proyectos para la formación de colonias agrícolas con colonos de “raza latina”: italianos, españoles y franceses (AHINM, 4/350/352, 1928).

83. AHINM, 4/360/2219, (1927).

84. AHINM, 4/360/1122, (1926).

85. AHINM, 4/360/2051, (1927).

86. Respuesta del abogado consultor, Miguel Hernández (AHINM, 4/350/459, 1931, f. 12 y 13).

87. AHINM, 4/360/610, (1930).

88. AHINM, 4/360/7391, (1930).

89. Esta fue la respuesta a la solicitud de la *National Branch for de U.S.A. Western Islamic Association* de Brooklyn, sobre el ingreso de un grupo de musulmanes como colonos (AHINM, 4/350/444, 1930).

90. AHINM, 4/350/368, (1928).

91. AHINM, 4/360/3746, (1929), f. 4.

92. En las tablas diferenciales de 1940 se colocan los siguientes condicionamientos para colonización, además de las referentes al trabajo agrícola: “En las solicitudes de admisión, será necesario que se especifique que los colonos extranjeros no abrigan prejuicios raciales y que estarán dispuestos, en su caso, a formar familia mestiza mexicana” (Comunicación del Oficial Mayor de la Dirección General de Población: AHINM, 4/350/794, f. 13, 1939).

93. Comité Mexicano para el Estudio de los Problemas de Población, “Bases mínimas de Política Demográfica, que presentan el Comité Mexicano para el Estudio de los Problemas de Población y la Sociedad Mexicana de Eugenesia, a la Nación y al Gobierno”: *Eugenesia*, T. 1, No. 1, (1939), p. 2-3.

#### LA NUEVA CIENCIA DE LA NACIÓN MESTIZA; SANGRE Y GENÉTICA HUMANA EN LA POSREVOLUCIÓN MEXICANA (1945-1967)

94. Este tipo de investigaciones no se realizan únicamente ahí. El Instituto de Investigaciones Antropológicas de la UNAM y diversos centros de investigación en el país también los realizan.

95. A. Basave, *México mestizo...*

96. López Beltrán, *El sesgo hereditario, Ámbitos históricos del concepto de herencia biológica*, p.191-202.

97. Una descripción somera de la conexión entre moléculas, genes y enfermedades a partir de 1945 se encuentra en Lindee, “Genetic Disease Since 1945”, *Nature Reviews Genetics*.

98. Wright, *Evolution and the Genetics of Populations*, Vol. 2, *The Theory of Gene Frequencies*; Kay, *Laboratory Technology and Biological Knowledge: The Tiselius Electrophoresis Apparatus, 1930-1945*, *History and Philosophy of the Life Sciences*; De Chadarevian, *Following molecules: Hemoglobin between the clinic and the laboratory*.

99. Wright, *óp. cit.*.

100. No siempre con éxito, según Jonathan Marks, “The Legacy of seological studies in American Physical Anthropology”, *History and Philosophy of the Life Sciences*.

101. Zuckerkandl, “A comparison of animal hemoglobins by triptic Peptide Pattern Analysis”, *PNAS*; Sommer, “History in the Gene: negotiations between Molecular and Organismal Anthropology”, *Journal of the History of Biology*.

102. A. Basave, *óp. cit.*

103. López Beltrán y Vergara Silva (en este libro).

104. El *National Center for Biotechnology Information (NCBI)* es el organismo creado y financiado por el gobierno de los Estados Unidos para proveer el acceso a la información (bases de datos) biomédica y genómica. Ver <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

105. Wintrobe, *Blood Pure and Simple. A Story of Discovery, of People and of Ideas*.

106. Wintrobe, *óp. cit.*; Mazumdar, *Species and Specificity. An interpretation of the history of Immunology*.

107. Mazumdar, “Two models for Human Genetics: Blood Grouping and Psychiatry in Germany between the two World Wars”, *Bulletin of the History of Medicine*.

108. C. Boyd, “Genetics and the Human Race”, *Science*.

109. Por ejemplo, Jonathan Marks, “The Legacy of seological studies in American Physical Anthropology”, *History and Philosophy of the Life Sciences*.

110. Haldane (1932); P. Mazumdar, *Eugenics, Human Genetics an Human Failings, The Eugenic Society and its critics in Britain* para una extensa reconstrucción histórica.

111. De Chadarevian y Kamminga, *Molecularizing Biology and Medicine. New Practices and Alliances 1910-1970s*.

112. E. Suárez, “The Rhetoric of Informational Molecules, Authority and Promises in the Early Days of Molecular Evolution”, *Science in Context*; M. Sommer, “History in the Gene: negotiations between Molecular and Organismal Anthropology”, *Journal of the History of Biology*.

113. L. Kay, “Laboratory Technology and Biological Knowledge: The Tiselius Electrophoresis Apparatus, 1930-1945”, *History and Philosophy of the Life Sciences*; H. Chiang, “The Laboratory of Discrete Molecular Separation: The Historical Development of Gel Electrophoresis and the Material Epistemology of Biomolecular Science”, 1945-1970. *Journal of the History of Biology*.

114. O. Smithies, “Zone electrophoresis in starch gels: Group variations in the serum proteins of normal human adults”, *Biochemical Journal*.

115. Davies, *et ál.* (1959); L. Ornstein, “Disc electrophoresis I: Background and Theory”, *Annals of the New York Academy of Sciences*; Chiang, *óp. cit.*; J. R. Powell, “Molecular techniques in population genetics: a brief history”. Schierwater, *et ál.* (eds.) *Molecular Ecology and Evolution. Approaches and Applications*.

116. Como lo ejemplifican los trabajos de E. Zuckerkandl *et ál.*, “A comparison of animal hemoglobins by triptic Peptide Pattern Analysis”, *PNAS*; Morris Goodman, “Immunochemistry of the Primates and Primate Evolution”. *Annals*

of the New York Academy of Sciences; Buettner Janusch, “Biochemical genetics of the Primates Hemoglobins and Transferrins”, *Annals of the New York Academy of Sciences*; Wilson y Sarich, “Immunological time-scale for hominoid evolution”, *Science*.

117. JD. Aronson, “Molecules and Monkeys, George Gaylord Simpson and the Challenge of Molecular Evolution”, *History and Philosophy of the Life Sciences*; Sommer, *óp. cit.*

118. Respecto al papel de los recursos eotéricos y simbólicos de larga duración en la historia de la ciencia —y en particular la sangre— ver el clásico ensayo de Fleck (1936).

119. Gordon, *et ál.* (1949).

120. Chiang, *óp. cit.*

121. Soraya de Chadarevian, “Following molecules: Hemoglobin between the clinic and the laboratory”.

122. Wright, (2004).

123. Los estudios de variabilidad genética en poblaciones naturales son cruciales para entender el desarrollo de la teoría evolutiva y la genética de poblaciones en este periodo (1950’s 1960s). Enmarcan el debate entre la escuela clásica (Muller, Crow, Kimura) y la balanceadora (Dobzhansky, Wallace), y se han conectado —erróneamente— con los orígenes de la Teoría Neutral de la Evolución Molecular (ver Suárez y Barahona, “The Experimental Roots of the Neutral Theory of Molecular Evolution”, *History and Philosophy of the Life Sciences*).

124. J. Beatty, “Genetics in the Atomic Age; The Atomic Bomb Casualty Commission, 1947-1956”, en Benson, K. R., et., al., *The Expansion of America Biology*.

125. Es difícil encontrar una sola definición de genética humana. Armendares y Lisker apuntan que “la genética humana es el estudio de las diferencias de los individuos, determinadas por las disimilitudes de los cromosomas y de sus constituyentes elementales, los genes.” Armendares y Lisker 1993, en: Aréchiga, H. & Palencia, J. S. 1993. p. 265. En otros casos, se trata a la genética humana indistintamente de la clínica y la médica como la rama que estudia de manera individual a los genes y los efectos que éstos provocan. En cualquier caso, genética humana en este texto hará referencia al estudio genético formal de las enfermedades, de sus causas y de sus mecanismos de transmisión. *cf.*, Dronamraju, *The Foundation of Human Genetics*.

126. M. Salazar Mallén, *et ál.*, “Existencia del aglutinógeno Rh en los hematíes de 250 individuos Mexicanos”, *Revista de la Sociedad Mexicana de Historia Natural*.

127. A. S. Wiener, *et ál.*, “Individual blood differences in Mexican indians with special reference to HR blood types and HR factors”, *Journal of Experimental Medicine*.

128. A. S. Wiener, *óp. cit.*

129. C. Arteaga, *Blood agglutinogens of Mexicans*, p. 351.

130. Arteaga, *et ál.*, *óp. cit.*, p. 384.

131. Corona del Rosal es más conocido por haber ocupado en el puesto de Jefe del Departamento del Distrito Federal durante el movimiento estudiantil (1968), que pedía, entre otras cosas, su renuncia. El movimiento estudiantil ha

sido interpretado como un hito que marca el fin del desarrollo modernizador del México posrevolucionario.

132. A. Karl, “Estudio electroforético de la hemoglobina de los indígenas mazatecos de la cuenca del Papaloapan”, *Ciencia*, p. 85, el énfasis es nuestro.

133. A. Karl, *óp. cit.*, p. 85.

134. A. Karl, *óp. cit.*, p. 86.

135. A. Barahona; S. Pinar y J. Ayala, *La Genética en México. Institucionalización de una Disciplina*.

136. A. Barahona, “The Experimental Roots of the Neutral Theory of Molecular Evolution”, *History and Philosophy of the Life Sciences*.

137. C. Dreifus, “A genetics Pioneer see a Bright Future, Cautiously. A conversation with Arno Motulsky”, *The New York Times*.

138. C. Dreifus, *óp. cit.*

139. R. Lisker, *et ál.*, “Studies on several hematological traits of the Mexican population, VIII. Hemoglobin S, Glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency and other characteristics in a malarial región”, *American Journal Human Genetics*; R. Lisker, *et ál.*, “Características genéticas hematológicas de la población Mexicana, VII, Estudio en la Costa Chica”, *Salud Pública México*; R. Lisker, *et ál.*, “Studies on several genetic hematological traits of Mexicans. IX: Abnormal hemoglobins and erythrocyte glucos-6-phosphate dehydrogenase deficiency in several Indian tribes”, *Blood*.

140. A. Barahona, “The Experimental Roots of the Neutral Theory of Molecular Evolution”, *History and Philosophy of the Life Sciences*.

141. R. Lisker, *et ál.*

142. R. Lisker, *et ál.*, “Studies on several hematological traits of the Mexican...”.

143. R. Lisker, “Studies on several genetic hematological traits of Mexicans...” No escapa a nuestra atención que las muestras con esta variabilidad provienen de comunidades zapotecas, las mismas que constituyeron la población indígena originaria en el reciente trabajo de ancestría del genoma mexicano publicado por el INMEGEN (Silva Zolezzi *et ál.*, *Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico*, PNAS.)

144. De Garay, *Comunicación personal*, (1998).

145. De Garay, *Programa de Genética y Radiobiología, Informe de Labores 1960*, p. 1.

146. Sus estudios incluyeron, entre otros, genética de poblaciones con *Drosophila*, citogenética y el efecto de las radiaciones en material humano, y determinación genética de los atletas participantes en los Juegos Olímpicos de México 1968.

147. Bowman *et ál.* (1966).

148. Bowman *et ál.* (1966), p. 811.

149. *Óp. cit.* p. 813.

150. *Loc. cit.*

151. Gertrude “Truby” Duby Blom (1901-1993) fue una reconocida fotógrafa de los indios lacandones, antropóloga social, ecologista y “horticulturista”, como gustaba llamarse, conocida por su defensa de la selva lacandona y las comunidades indígenas. En 1940 migró de Suiza a México, después de participar en numerosas actividades anti-fascistas, y en 1943 convenció al gobierno local de Chiapas que le permitieran realizar una primera expedición a la selva lacandona donde vivían recluidas las únicas comunidades mayas que no habían sido conquistadas por los españoles. En 1951 adquirió, junto con su marido el arqueólogo y cartógrafo danés Frans Blom la Casa Na Balom, en San Cristobal de las Casas. La casa de Duby Blom, como se le conocía, constituía un importante “passage-point” para los interesados en comunidades indígenas del sureste mexicano. Ahí se hospedaban arqueólogos de las principales universidades estadounidenses y destacados miembros del ámbito cultural y político, como Diego Rivera e incluso Henry Kissinger.

152. Barahona, Pinar y Ayala, *óp. cit.*; Barahona, *óp. cit.*

153. S. E. Lewis, “The tragedy of success: Mexico’s National Indigenist Institute (INI) in Highland Chiapas”, Ponencia presentada en el Congreso de la American Historical Association.

154. Véase W. Fowler, *Gobernantes Mexicanos*, Tomo II.

155. Miguel Alemán, por ejemplo, elabora y promueve por primera vez un proyecto de desarrollo nacional de su sexenio que no fue escrito por los distintos “sectores” del partido oficial y la clase gobernante. Paradójicamente este proyecto incluye el proteccionismo y la creación de mercados internos, en contra de la tendencia a la liberación de mercados en los países occidentales. Independientemente de la corrupción de la que se acusa a los “cachorros de la Revolución”, es un hecho que el gobierno de Miguel Alemán protegió a los empresarios mexicanos y cerró las fronteras al comercio exterior.

156. S. E. Lewis, *óp. cit.*; R. Alexander, “Fortunate sons of the Revolution: Miguel Alemán and Civilian Rule in Mexico 1946-1952”, ponencia en Congreso de la American Historical Association; M. Rankin, “Each One, Teach One: Education and Literacy in Mexico during World War II”, ponencia en el Congreso de la American Historical Association.

157. R. Alexander, *óp. cit.*

158. Jean-Paul Gaudilliere, *The Mapping Cultures of Twentieth Century genetics*.

#### GENÓMICA NACIONAL: EL INMEGEN Y EL GENOMA DEL MESTIZO

159. El trabajo de seis páginas venía incluido en una vistosa caja cuadrada de color rosa mexicano y azul que incluía, además, una simpática batería celebratoria del logro científico, ¿cuál fue ese logro? Silva Zolezzi, *et ál.*, “Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico”, PNAS.

160. INMEGEN, “Ceremonia de presentación de la publicación Mapa del Genoma de los Mexicanos”, Comunicado de Prensa; INMEGEN, “Estudio mexicano revela variaciones genéticas significativas entre la población de esa nación y otros subgrupos genéticos conocidos en el mundo”.

161. Ciertamente hay margen para un análisis más profundo de este evento.

162. J. Flores, “Influenza y medicina genómica”, *La Jornada*; C. Herrera Beltrán, “Presentaron ayer en Los Pinos mapa genómico de los mexicanos”, *La Jornada*; L. Castrillón, “El Genoma derrumba el concepto de razas”, *Milenio Semanal*; A. Aguilar, “Genoma y virus”, *Excélsior*; INMEGEN, “Estudio mexicano revela variaciones...”.

163. Schwartz, E (en este libro); Seguin *et ál.*, “Foreward: Human genomic variation initiatives in emerging economies and developing countries, *Nature Reviews Genetics*; Seguin *et ál.*, “Genomics, public health and developing countries: the case of the Mexican National Institute of Genomic Medicine (INMEGEN), *Nature Reviews Genetics*; A. S. Daar, Pharmacogenetics and geographical ancestry: implications for drug development and global health. *Nature Review Genetics*.

164. Peregrina Rioja, *La era de la genómica humana en América Latina y el Caribe ¿Cooperación versus competencia? México, Brasil y Cuba*, pp. 177.

165. M. Hidalgo *et ál.*, “Mapa Genómico de los Mexicanos”, *Ciencia y Desarrollo*, o piezas revista Anon, “México traza su mapa genético”, *BBC world*; A. Enciso, “Resultados Genómicos del Mexicano” *La Jornada* de San Luis; Anon, “Los genes mexicanos, la pasión de Gerardo Jiménez Sánchez”, *El Siglo de Torreón*.

166. Ver INMEGEN, “Ceremonia de presentación...”; “Estudio mexicano revela variaciones genéticas...”. También en la sección especial en la página web del INMEGEN, en sitio hasta enero de 2010.

167. Silva Zolezzi, “Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico”, PNAS.

168. G. Jiménez Sánchez, “La medicina genómica como instrumento estratégico en el desarrollo de México”; López de Silanes, *Informe del presidente del consejo directivo*; G. Jiménez Sánchez *et ál.* *Opportunities for the Pharmaceutical Industry in the Institute of Genomic Medicine of Mexico*, Cuadernos Funsalud; G. Jiménez Sánchez, “En el umbral de la medicina genómica”, *Este País*; G. Jiménez Sánchez, “El Instituto Nacional de Medicina Genómica”, *Este País*; G. Jiménez Sánchez, “Genomic medicine in Mexico: Initial steps and the road ahead”, *Genome Research*.

169. Algunos aspectos de la ley fueron el resultado de las concesiones a las presiones de la derecha y merecían un análisis detallado.

170. G. Jiménez Sánchez, “La medicina genómica como instrumento...” p. 295; Affimetrix, “INMEGEN Looks to Map the Genome of Mexico’s Mestizo Population”, Interview with Gerardo Jiménez-Sánchez, *Affymetrix UserForum*; Gil Estrada, “Evaluación de la contribución ancestral en poblaciones mestizas mexicanas y sus efectos en la preservación del desequilibrio de ligamiento”, presentación en el II Congreso Nacional de Medicina Genómica.

171. Motherlet Guerrero, “¿Existe un genoma mestizo? Perspectiva del Doctor León Olivé”, *Andamios, Revista de Investigación Social*; León Olivé presentación del libro González, J. *Genoma humano y dignidad humana*.

172. G. Jiménez Sánchez, “Hacia el Instituto Nacional de Medicina...”; “Un paso más hacia el establecimiento del INMEGEN”, *Informe de Actividades 2003-2004*, Fundación Mexicana para la Salud A.C.

173. A. Basave, *México mestizo*; A. Stern, “Mestizofilia, biotipología y eugenesia; hacia una historia de la ciencia y el Estado”, *Relaciones*; Gómez Izquierdo, “Racismo y nacionalismo en el discurso de la élite mexicana: Historia Patria y Antropología”, Gómez Izquierdo J.J. (ed.) *Los Caminos del Racismo en México*; Mörner, *El mestizaje en la historia de Iberoamérica*; Saade (En este libro).

174. J. Vasconcelos, *La raza cósmica*; M. Marzal, *Historia de la Antropología Indigenista: México y Perú*; L. Villoro, *Los Grandes momentos del Indigenismo*; A. Basave, *óp. cit.*; Tenorio Trillo, *Historia y Celebración*.

175. Gómez Izquierdo, *óp. cit.*; M. Moreno Figueroa, “En México no hablamos de racismo: Mujeres, mestizaje y prácticas contemporáneas del racismo” *El Colegio de México*; D. Robichaux, “Identidades indefinidas: entre “indio” y “mestizo” en México y América Latina”, *Amérique Latine Histoire et Mémoire. Les Cahiers ALHIM*; Tenorio Trillo, *óp. cit.*

176. Motherlet Guerrero, *óp. cit.*; León Olivé, *óp. cit.*; S. Ribeiro, “El mapa genómico de los mexicanos”, *La Jornada*; S. Ribeiro, “México: Genómica, biopiratería y pueblos indígenas”, *La Jornada*; F. Guerrero McManus, “El genoma mexicano, la dislexia genética y otros males posmodernos”, *La Crónica*.

177. F. Guerrero Mothelet, “¿Existe un genoma mestizo? Perspectiva del Doctor León Olivé”, *Andamios, Revista de Investigación Social*.

178. International HapMap Consortium, “A Haplotype Map of the Human Genome”, *Nature*.

179. Los autores insistieron en que no muestran ni representan ni siquiera grupos poblacionales continentales, tan sólo los contingentes de grupos genealógicos históricos. Escribieron que “el número de las muestras fueron recogidas para ser representativas de una población más grande” y que quería “evitar confundir este enfoque analítico con el concepto de “población”, Consorcio International HapMap, *óp. cit.*, p. 1300.

180. A. Hidalgo Miranda, et ál. “Mapa Genómico de los Mexicanos”, *Ciencia y Desarrollo*.

181. R. Fuentes Berain, “Los genes de México”, *Día siete*.

182. R. Fuentes Berain, *óp. cit.*

183. E. González- Burchard, et ál. “The Importance of Race and Ethnic Background in Biomedical Research and Clinical Practice”, *The New England Journal of Medicine*; R. S. Cooper, et ál. “Race and Genomics”, *The New England Journal of Medicine*; Bamshad y Olson, “Does race exist?”, *Scientific American*; S. Wolf, “The Responsible Use of Racial and Ethnic Categories in Biomedical Research: Where Do We Go From Here?”, *Journal of Law, Medicine & Ethics*.

184. Affimetrix, *óp. cit.*; S. Palmié, “Genomics, Divination, Racecraft”, *American Ethnologist*.

185. Gómez Izquierdo, *óp. cit.*; Olivé, *óp. cit.*; Guerrero Motherlet, *óp. cit.*

186. M. Sans, “Admixture Studies in Latin America: from the 20th to the 21st century”, *Human Biology*; F. M. Salzano, “Interethnic variability and admixture in Latin America –social implications”, *Revista de Biología Tropical*; S.D.J. Pena, “Retrato molecular do Brasil”, *Ciencia Hoje*; C.L. Wijeyesinghe, “Racial Identity in Multiracial People. An Alternative Paradigm”, in Wijeyesinghe, C. L., Jackson, B. W. (eds.) *New Perspectives on Racial Identity Development. A Theoretical and Practical anthology*; Ogundiran, “Africa must come on board the genomic bandwagon”, *Genomics, Society and Policy*.

187. Pena, et ál. *óp. cit.*; Tenorio Trillo *óp. cit.*

188. E. Schwartz, *Genomic Sovereignty and the creation of Inmegen: Governance, populations, and territoriality*, Dissertation.

189. B. Acosta Cazarez, et ál. “Scientific colonialism and Safari research”, *Clinical Medicine & Health Research*; B. Séguin, et ál. “Genomic medicine and developing countries: creating a room of their own”, *Nature Reviews*; B. Séguin, et ál., Genomics, public health and developing countries: the case of the Mexican National Institute of Genomic Medicine (INMEGEN), *Nature Reviews*.

190. G. Jiménez Sánchez, “Áreas de oportunidad para la industria farmacéutica en el Instituto de Medicina Genómica de México”, *Gaceta Médica de México*; G. Jiménez Sánchez, “Opportunities for the Pharmaceutical Industry in the Institute of Genomic Medicine of Mexico”, *Cuadernos Funsalud*

191. G. Jiménez Sánchez, “Áreas de oportunidad para la industria...”, G. Jiménez Sánchez, “Opportunities for the Pharmaceutical ...”; A. López de Silanes, *óp. cit.*; Affimetrix, *óp. cit.*; S. Pantoja, “Instituto Nacional de Medicina Genómica, entrevista con Gerardo Jiménez-Sánchez”, *Líderes Mexicanos*; FUNSALUD, *Informe Bienal 2001-2002*; H. Gómez Vique, “El paradigma de biotecnología y la medicina genómica: ¿Un obstáculo o una oportunidad de integración para la industria farmacéutica mexicana?”, *Congreso de Sistemas de Innovación para la Competitividad*.

192. I. Silva Zolezzi, “Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico”, *PNAS*.

193. JK. Pritchard, et ál. “Inference of population structure using multilocus genotype data”, *Genetics*; V. Ramillon, *Les deux génomiques. Mobiliser, Organiser, Produire: du sequencage a la mesure de l'expression des genes*, Doctoral Thesis, Ecole des Hautes Etudes en Sciences Sociales.; Winther (en este libro).

194. L. Alcántara, “Genes mexicanos, mezcla de 35 razas”, *El Universal*.

195. L. Alcántara, *óp. cit.*; “Listo, el mapa genómico de los mexicanos”, *El Universal*.

196. S. Efstehaniou, “Found Science, Found Race Science”, *ISHPSSB meeting*

197. G. Jiménez Sánchez, “La medicina genómica como instrumento estratégico...”

198. Ver Goncalves, et ál. “The Phylogeography of African Brazilians”, *Human Heredity*; J. Alves Silva, et ál. “The Ancestry of Brazilian mtDNA Lineages”, *American Journal of Human Genetics*.

199. J. Reardon, *Race to the Finish: Identity and Governance in an Age of Genomics*; A. M'charek, *The Human Genome Diversity Project. An Ethnography of Scientific Practice*; E. Winther (en este libro).

200. La autodefinición de ser mestizo es extraña a la mayoría de las prácticas identitarias mexicanas. M. Tenorio Trillo, *óp. cit.*

201. Estudiantes universitarios de ambos sexos que firmaron documentos de consentimiento informado, que tienen una historia familiar local de, al menos, dos generaciones dentro de una región determinada. Estrada Gil, et ál. *óp. cit.*; Fuentes Berain, “Los genes de México”, *Día siete*.

202. R. Lisker, *Estructura genética de la población mexicana*.

203. Los materiales de publicidad de las Jornadas de Recolección incluyen folletos de información, posters, etc., y se pueden consultar en la página web del INMEGEN.

204. Jiménez Sánchez, et ál. “Genomic medicine in Mexico: Initial steps and the road ahead”, *Genome Research*, p. 1195.

205. No hay espacio en este documento para introducir la información contrastada de entre los latinos en la investigación genómica médica internacional de EUA con los grupos de base y el esfuerzo a nivel nacional delimitada por el INMEGEN. Ver E. González Burchard, “The Importance of Race and Ethnic Background in Biomedical Research and Clinical Practice”, *The New England Journal of Medicine*; especialmente, D. Fullwiley, “The Biological Construction of Race: ‘Admixture’ Technology and the New Genetic Medicine”, *Social Studies of Science*.

206. JK. Pritchard, et ál., *óp. cit.*; Frudakis, “The Legitimacy of Genetic Ancestry Tests”, *Science*; NA. Rosenberg, et ál., “Informativeness of genetic markers for inference of ancestry”, *American Journal of Human Genetics*; E. Winther (En este libro).

207. El número total de muestras utilizadas en el estudio fue de 104. El número de muestras varió de n=8 en el caso del estado de Guanajuato y n= 21 en el caso del estado de Guerrero.

208. El programa Structure ha sido el software de mayor uso en años recientes. La cita original es de JK, Pritchard, et ál. *óp. cit.*

209. L. Olivé, *óp. cit.*

210. L. Olivé *óp. cit.*; E. Guerrero-Motherlet *óp. cit.*

211. A. Lipschutz, *El problema racial en la conquista de América*; J.P. Zúñiga, “La voix du sang. Du métis à l'idée de métissage en Amérique espagnole”, *Anales HSS*; J. Gómez Izquierdo *óp. cit.*; A. Basave, *óp. cit.*

212. Un ejemplo bien conocido de estos desarrollos, es el caso del proyecto del genoma islandés. Ver G. Pálsson y P. Rabinow, “Iceland: The Case of a National Human Genome Project”, *Anthropology Today*; G. Pálsson, *Anthropology and the New Genetics*.

## MESTIZAJE EN EL LABORATORIO, UNA TOMA INSTANTÁNEA

213. La observación participante es una técnica de observación utilizada en las ciencias sociales (e.g., antropología social) en donde el investigador comparte con los investigados su contexto, experiencia y vida cotidiana, para conocer directamente toda la información que poseen los sujetos de estudio sobre su propia realidad, o sea, conocer la vida cotidiana de un grupo desde el interior del mismo. Mi observación participante en la Unidad de Genotipificación del INMEGEN comenzó el 5 de mayo de 2010.

214. La Dra. Silva Zolezzi dejó el Laboratorio de Genómica Poblacional del INMEGEN en junio de 2010 por un ofrecimiento de trabajo en la división de genómica funcional (nutrigenómica) de Nestlé-Suiza, pero continúa colaborando con el INMEGEN en proyectos de investigación.

215. En palabras de A. Basave, “la tendencia a vincular mestizaje y mexicanidad responde esencialmente a la búsqueda de identidad nacional” *México mestizo*, p. 14. Sobre la retórica nacionalista que recoge este relato y sustento a los proyectos del INMEGEN, Ver Schwartz (En este libro). En un artículo reciente, los editores de este libro interpretan la relación entre el mestizo como recurso formador de identidad nacional mexicana y como sujeto de la investigación genómica de la siguiente manera: el constructo histórico e ideológico del mestizo “se acopla con la hipótesis [científica] de que debe haber conjuntos peculiares de variantes genómicas humanas contenidas dentro de las fronteras del Estado, ayudando a apuntalar tanto el carácter nacional del objeto de estudio (el genoma mestizo) como su exclusividad”, López Beltrán y Vergara Silva (En este libro).

216. Sobre las técnicas de estimación de mestizaje y estructura poblacional basadas en grupos sanguíneos y proteínas, que se usaron durante la primera mitad del siglo XX en México y otros países, ver Suárez y Barahona (En este libro).

217. A. Torroni, et ál., “Mitochondrial DNA ‘clock’ for the Amerinds and its implications for timing their entry into North America”, *Proc Natural Academic Science*; N. Maca Meyer, et ál., “Major Genomic Mitochondrial Lineages Delimitate Early Human Expansions”, *BMC Genetic*.

218. H. Rangel Villalobos, et ál., “Genetic admixture, relatedness, and structure patterns among Mexican populations revealed by the Y-chromosome”. *American Journal of Physical Anthropology*; E. Guardado Estrada, et ál., “Diversidad genética en la población mexicana: utilización de marcadores de AND”, *Review Medical Hospital Genetics Mexico*; E. Guardado Estrada, “A great diversity of Amerindian mitochondrial DNA ancestry is present in the Mexican mestizo population”, *Journal of Human Genetics*; A. González Martín, et ál., “Analyzing the genetic structure of the Tepehua in relation to other neighbouring Mesoamerican populations. A study based on allele frequencies of STR markers”, *American Journal of Human Biology*.

219. R. Rubi Castellanos, et ál., “Pre-historic Mesoamerican demography approximates the present-day ancestry of mestizos throughout the territory of Mexico”, *American Journal of Physical Anthropology*; B. Kemp, et ál., “Evaluating

the Farming/Language Dispersal Hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica”, *PNAS*; De la Cruz, et ál., “Sex identification of children sacrificed to the ancient Aztec rain gods in Tlaxelolco”, *Current Anthropology*.

220. C. Santos et ál., “Mutation patterns of mtDNA: Empirical inferences for the coding region”, *BMC Evolution Biology*.

221. Quinto Cortés, et ál. (En prensa).

222. K. Sandoval, et ál., “Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans”, *Human Genetics*.

223. Villalobos Comparán, et ál., “The FTO gene is associated with adulthood obesity in the Mexican population”, *Obesity*; M. Escamilla, et ál., “A schizophrenia gene locus on chromosome 17q21 in a new set of families of Mexican and Central American ancestry: evidence from the NIMH genetics of schizophrenia in Latino populations study”, *American Journal Of Psychiatry* AiA; J. Falcón Lezama, et ál., “HLA class I and II polymorphisms in Mexican Mestizo patients with dengue fever”, *Acta Tropica*.

224. I. Silva Zolezzi, et ál., “Analysis of Genomic Diversity in Mexican Mestizo Populations to Develop Genomic Medicine in Mexico”, *PNAS*.

225. I. Silva Zolezzi, et ál., *óp. cit.*

226. Notas 2-06-10.

227. Notas 2-06-10.

228. Entrevista 5-05-10. Una lectura distinta de los valores (histórico, médico, financiero, identitario) que se le asignan al mestizo como sujeto de investigación genómica está en Guerrero (En este libro).

229. Según una técnica de laboratorio, no se puede detectar mestizaje en muestras mestizas de donadores femeninos: “a partir de un solo dato, el haplogrupo mitocondrial, aunque te salga amerindio, no se puede inferir mestizaje” (notas 1-06-10). Silva Zolezzi aclaró más tarde que sí se puede lograr detectar mestizaje en estas muestras (carentes de DNA cromosoma Y) mediante un análisis exhaustivo de DNA nuclear, algo que no es muy viable ni práctica ni económicamente.

230. Notas 1-06-10. Un haplogrupo es un conjunto de haplotipos, que son series de alelos en lugares específicos de un cromosoma. La genotipificación (o determinación de un genotipo) de haplogrupos se realiza mediante la detección de marcadores genéticos (generalmente de polimorfismos por cambio de un solo nucleótido o SNPs). Hay quince millones de SNPs (estimados) en el genoma humano, algunos de los cuales constituyen a su vez marcadores informativos de ancestría o AIMS.

231. Notas 1-06-10.

232. Los AIMS son conjuntos de polimorfismos para un determinado locus (lugar en el cromosoma) que se presentan en frecuencias considerablemente distintas entre poblaciones de diferentes regiones geográficas. Arroyo (En este libro) hace una crítica de los métodos de análisis estadístico utilizados por Silva-Zolezzi, et ál. (2009) para llegar a este tipo de estimaciones.

233. Notas 4-06-10.

234. Para una crítica sobre el uso de puntos geográficos y divisiones políticas para definir clases naturales, Ver Pascacio (En este libro).

235. Dependiendo del método de genotipificación que se utilice, la evidencia puede ser también semi-cuantitativa, como el caso de la genotipificación por PCR en tiempo real.

236. Notas 4-06-10.

237. Notas 3-06-10.

238. Peter Wade, “Rethinking Mestizaje: Ideology and Lived Experience”. *Journal of Latin American Studies*.

239. Notas 2-06-10.

240. Asimismo, Silva-Zolezzi cita verbalmente a Lisker para sostener que “hay una correlación entre clase social y ancestría”. Sobre la influencia de Lisker en el desarrollo de la genética humana en México durante el siglo xx, Ver Suárez y Barahona (En este libro).

241. ISZ, entrevista, 16-06-10.

242. Entrevista, Alejandra Contreras, 4-06-10.

243. Una perspectiva del debate sobre el uso de clasificaciones raciales en la medicina genómica en Estados Unidos, que resume distintas posturas a favor y en contra, están en Rose (capítulo 6, 2007). Un análisis del desfase entre los usos de clasificaciones raciales en censos de distintos países, incluyendo algunos de América Latina, y las investigaciones genéticas, se encuentran en Carlos Galindo (En este libro).

244. Crawford (2007), p. 28.

245. Notas 4-06-10.

246. Una evidencia de este esfuerzo es la colaboración que ha existido durante más de un año entre Silva Zolezzi y Blanca González Sobrino, investigadora del Instituto de Investigaciones Antropológicas de la UNAM. Su proyecto de investigación conjunto continúa vigente.

247. Notas 4-06-10.

248. Notas 2-06-10.

#### PROTEGIENDO EL “MEXTIZAJE”: EL INMEGEN Y LA CONSTRUCCIÓN DE LA SOBERANÍA GENÓMICA

249. Entrevista otorgada en el marco de la creación del Instituto Nacional de Medicina Genómica.

250. En la primera plática informal que tuve con un alto funcionario encargado de asuntos éticos y legales en el INMEGEN, acerca del rol como regulador del instituto me dijo: ...*Funcionario*: El regulador de estos asuntos en México es la COFEPRIS.../ E.S: Pero si en la ley dice explícitamente que una de las funciones que tienen es regular/ *Funcionario*: Ya sabes cómo es en México una cosa es lo que se dice y otra es la que se hace...



251. Si no fuera por los malentendidos de la Iglesia y los ciclos en la arena política (por ejemplo, el cambio de gobierno), parece plausible que las negociaciones que se realizaron en 18 meses en el interior del Congreso mexicano podrían haber sido más una cuestión de rutina, que el evento plural y democrático celebrado por Julio Frenk. En 2001-2002, cuando las primeras discusiones legislativas se llevaron a cabo, el Consorcio para la Promoción de la Medicina Genómica no sólo marcó la apertura del primer debate con el fin de crear un instituto nacional de salud de genómica humana en el país, también dio paso a una irrefrenable controversia pública que incluía visiones imaginarias, y fantasías religiosas.

El Arzobispo Cardenal Primado de México, Norberto Rivera, como jefe de un grupo de sacerdotes y el grupo de médicos católicos de la iglesia se pronunciaron en contra de la creación del Instituto Nacional de Medicina Genómica. En una nota que apareció el 10 de septiembre de 2002, el sacerdote Jorge Palencia, encargado de la Comisión Católica de Salud, dijo que las verdaderas intenciones del INMEGEN eran hacer una legislación a favor de la manipulación genética y la clonación de seres humanos.

252. El Congreso de la Unión asignó al INMEGEN un presupuesto de \$280 millones de pesos en 2005 para operación, infraestructura e inicio de la construcción de su sede definitiva. Así, se inició la compra de equipo científico por más de \$41 millones de pesos y se gestionó, con las Secretarías de Salud y de la Función Pública, un terreno de 40,000 m<sup>2</sup>, situado al sur de la Ciudad de México para la construcción de su sede permanente. *cfr.* E. Taracena, G. Jiménez Sánchez, “INMEGEN: innovación en la ciencia de la vida, aplicada a la salud”, pág. 4.

253. WHO (2002); UNESCO (1997); OCDE (2006).

254. Foucault (2003 [1975-76]).

255. López Beltrán y Vergara Silva; Pascacio; Arroyo en este libro.

256. Clarke (2005).

257. G. Jiménez Sánchez, “Áreas de oportunidad para la industria farmacéutica en el Instituto de Medicina Genómica de México”, *Gaceta Médica de México*; Frenk (2004); F. Guerrero McManus, “El genoma mexicano, la dislexia genética y otros males posmodernos”, *La Crónica*.

258. Eugene Thacker (2007).

259. Eugene Thacker (2007:163).

260. Eugene Thacker (2007: 164).

261. Tal noción de empresarios nace de la literatura de comunidades epistémicas (Adler y Haas 1992; Haas 2002), en la que se analiza el impacto de expertos en la formación y desarrollo de políticas públicas, en el artículo hago referencia a empresarios ya que estas propuestas están enmarcada en un discurso de libre empresa y mercado.

262. López Beltrán y Vergara Silva; Guerrero McManus (en este libro).

263. La Seguridad Nacional es sin duda un tema polémico en el país, y en medio de un tiempo inestable y peligroso, la noción tradicional “moderna” de la soberanía del Estado es cuestionada a diario por la delincuencia organizada.

La guerra contra las drogas, que es una estrategia central en la agenda del presidente de México, Felipe Calderón, ha puesto de manifiesto las limitaciones del Estado como el monopolio legítimo de la violencia. Las ejecuciones, venganzas y disputas territoriales de los cárteles de la droga han superado cada año el número de muertos del año anterior. Las declaraciones del ex Jefe de Seguridad de los Estados Unidos, hablando sobre el aumento de narcocracia en el país, añaden un toque internacional alrededor de este polémico tema. *cfr.* Miguel (2009).

264. *cfr.* Schwartz y Silva Zolezzi (2010).

265. “Lo voy a llamar mapa del conocimiento genómico de poblaciones mexicanas, ya que ha habido cierta confusión y controversia en torno a este tema: “Sí yo soy mexicano ¿Por qué no estudian mi genoma, si soy de origen esquimal pero mexicano? Entonces mejor llamarlo poblaciones Saavedra (2009)”.

En una entrevista que sostuve con el actual director Xavier Soberón Mainero, mencionó que su intención era darle la menor categoría posible al mapa, con el fin de evitar problemas y confusiones. Este cambio bastante radical en la comunicación y mercadeo que hasta entonces había llevado el INMEGEN, no es el producto de un debate abierto con los científicos involucrados en el proyecto o un proceso de consulta, sin embargo responde a las críticas de amplios sectores académicos.

266. *cfr.* Schwartz & Silva Zolezzi (2010).

267. Liu (2009).

268. B. Seguí et ál., “Human Genomic variation Studies and Pharmacogenomics are critical for Global Health”, *Landes Bioscience*.

269. López Beltrán y Vergara Silva (2010 y en este libro).

270. Entrevista con el Dr. Soma [Pseudónimo] (2009).

271. Para aquellos que no están familiarizados con el proceso de gestión y negociación del INMEGEN, el Consorcio promotor es el predecesor del instituto antes mencionado con un presupuesto inicial de 2 millones de pesos por cada miembro. Los cuales estuvieron dedicados a cabildear y promover las trayectorias y promesas de la medicina genómica en México: “El 22 de noviembre de 2001 se firmó un convenio entre los titulares de la SSA, Julio Frenk; de la UNAM, Juan Ramón de la Fuente; del CONACYT, Jaime Parada, así como el presidente ejecutivo de FUNSALUD, Guillermo Soberón, para establecer el Consorcio Promotor del Instituto de Medicina Genómica. Desde esa fecha se decidió que la futura organización quedaría ubicada dentro del Sector Salud y que llegaría a tener el perfil de un instituto nacional de salud”. *Op. Cit* Taracena E, Jiménez Sánchez G., (2005).

En este trabajo me refiero principalmente al discurso público de dos actores clave en la negociación del INMEGEN, Julio Frenk Mora, ex secretario de Salud y actual Decano de la facultad de Salud Pública de Harvard, y Gerardo Jiménez Sánchez ex Director-Fundador del INMEGEN. Sin embargo el grupo que apoyó la medicina Genómica en México estuvo conformado al menos por 61 investigadores y varias personalidades públicas más; a pesar de ello la idea y su negociación en el congreso Mexicano, estuvo a cargo de los dos personajes antes menciona-

dos con el apoyo del mentor político de ambos, Guillermo Soberón (ex secretario de Salud, ex rector de la UNAM, Presidente de la Comisión Nacional de Bioética, Presidente de FUNSALUD, entre otros de sus muchos cargos públicos).

272. ES- ¿Soberanía Genómica? ¿este concepto de dónde vino?

G.S-Bueno, este concepto fue... de hecho tomado de los debates internacionales, porque había la preocupación de que estos conocimientos pudieran ser ocupados por aquellos que tuvieran la oportunidad de usarlos, los dueños del dinero, y que podrían utilizar esta información para su interés particular. Y entonces nuestro argumento fue... que era mejor ocupar el conocimiento y ser el propietario de este conocimiento, de otro modo si no nos ocupamos de él, tendrían más oportunidades de obtenerlos y monopolizarlos por ellos, y bueno... no hemos tenido enfrentamientos con este alcalde, pero en el Congreso, estos temas siguen siendo importantes especialmente la cuestión de la soberanía. Entrevista con Guillermo Soberón, cofundador del INMEGEN, ex presidente de la Comisión Nacional de Bioética de 2008).

273. J. Reardon, *Race to the Finish: Identity and Governance in an Age of Genomics*.

274. Mooney en Delgado (2002).

275. S. Ribeiro, "El mapa genómico de los mexicanos", *La Jornada*.

276. Soberón (2008).

277. S. Ribeiro, "México: Genómica, biopiratería y pueblos indígenas", *La Jornada*.

278. *Ibíd.*

279. PNS (2007-2012): "...Otra manera de abordar el problema de la desigualdad de las condiciones de salud es revisando la salud de las poblaciones de los 100 municipios más marginados del país. Se trata de municipios predominantemente indígenas en donde vive el millón de mexicanos más pobres. Alrededor de 30% de esta población se concentra en Chiapas, 20% en Oaxaca, 17% en Guerrero y 15% en Veracruz...", pp. 37.

280. *cfr.* [www.cuestionableinmegen.blogspot.com](http://www.cuestionableinmegen.blogspot.com). Último acceso en diciembre 2010.

281. Entrevista S. Ribeiro, "México: Genómica, ..." *Op.*, *cit.*

282. E. Schwartz, *Genomic Sovereignty and the creation of Inmegen: Governance, populations, and territoriality*, Dissertation, pp. 51-53.

283. Ossorio (2007:7).

284. En algunas discusiones con investigadores me comentaron: "¡qué! ¿al rato se les va a ocurrir sacar el genoma de Iztapalapa y el de las Lomas, para comparar?"

285. Proyectos públicos en genómica poblacional, véase: <http://www.p3g.org/>

286. Sobre la relación entre soberanía genómica y el genoma mexicano como un bien público ver los preámbulos de ley en: Ley General de Salud 2008; Gaceta Parlamentaria (2001), Calderón (2009).

287. ELSI (22 Abril 2008).

288. Foucault (2006[1977-78]:47).

289. <http://diversity.inmegen.gob.mx>.

290. Pilar Ossorio (2007: 436)

291. B. Séguin et ál., "Foreward: Human genomic variation initiatives in emerging economies and developing countries", *Nature Reviews Genetics*.

292. Lara (2008).

293. García-Deíster, (En este libro).

294. S. Ribeiro, "El mapa genómico de los mexicanos" *La Jornada*; G. Jiménez Sánchez, "Hacia el Instituto Nacional de Medicina Genómica", *Informe de Actividades*.

#### CERCA DEL GE(No)MA MEXICA(No): ENSAYO SOBRE EL VALOR DEL ORIGEN Y EL ORIGEN DEL VALOR

295. G. Jiménez-Sánchez, "Hacia el Instituto Nacional de Medicina Genómica", *Informe de Actividades*, p. 292.

296. *Ibíd.*, p.291.

297. *Ibíd.*, p. 292-293.

298. *Ibíd.*, p. 292.

299. *Ibíd.*, p. 293.

300. I. Silva Zolezzi et ál., "Analysis of genomic diversity in mexican mes-tizo populations to develop genomic medicine in Mexico", *PNAS*.

301. *Ibíd.*, p. 6.

302. *Ibíd.*, p. 6-7.

303. *Ibíd.*, p. 2.

304. *Ibíd.*, p. 6.

305. *Ibíd.*, p. 2.

306. *Ibíd.*, p. 2 (Las cursivas son mías).

307. *Ibíd.*, p. 1.

308. Jiménez Sánchez, *op. cit.*, p. 291.

309. *Ibíd.*, p. 292.

#### LAS CATEGORÍAS RACIALES EN EL MUNDO Y SUS IMPLICACIONES PARA NUEVOS PROYECTOS EN MÉXICO

310. UNESCO, "The Race Question", *The UNESCO and its Programme*, punto 14.

311. *Ibíd.*, punto 4.

312. *Ibíd.*, punto 6.

313. G. Barbujani et ál., "An apportionment of human DNA diversity", *Proceedings of the National Academy of Sciences*, p. 4516.

314. K. Owens y M. King, "Genomic Views of Human History", *Science*, pp. 452-453.

315. Por ejemplo, M. Levin, "The Race Concept: A Defense", *Behavior and Philosophy*.
316. G. Barbujani, "Race Genetics Aspects", *International Encyclopedia of the Social & Behavioral Sciences*.
317. Statistics Canada y US Census Bureau, "Race: Definition, American Fact Finder", p. 549.
318. IPUMS, *Integrated Public Use Microdata Series— International Version 5.0*, Minnesota Population Center.
319. U.S. Census Bureau, *óp. cit.*
320. N. Jones y A. Symens, "The Two or More Races Population: 2000", *Census 2000 Brief*.
321. *Ibíd.*
322. *Ibíd.*
323. Para una discusión más detallada ver G. Barbujani, "Race Genetics..."
324. Ver Silva Zolezzi *et ál.*, "Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico", *PNAS*.
325. Silva Zolezzi, *et ál.*, *óp. cit.*, p. 3.
326. Ver figura 3 de Silva Zolezzi *et ál.*, *óp. cit.*, p. 4.

#### ¿LA REIFICACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA? UNA HISTORIA DE DOS MÉTODOS MATEMÁTICOS

327. R. Lewontin, "The apportionment of Human Diversity", *Evolutionary Biology*; M. Nei, "Analysis of gene diversity in subdivided populations", *Natural Academy Science*; G. Barbujani *et ál.*, "An apportionment of human DNA diversity", *Proceedings of the National Academy of Sciences*.
328. JK. Pritchard *et ál.*, "Inference of population structure using multilocus genotype data", *Genetics*.
329. JK. Pritchard *et ál.*, *óp. cit.*; AWF. Edwards, "Human genetic diversity: Lewontin's Fallacy", *BioEssays*; Rosenberg *et ál.*, "Genetic structure of human populations", *Science*.
330. S. Wright, "The interpretation of population structure by F-statistics with special regards to systems of mating", *Evolution*; CC. Cockerham, "Variance of gene frequencies", *Evolution*; CC. Cockerham, "Analyses of gene frequencies", *Genetics*; R. Lewontin, "The apportionment of Human Diversity", *Evolutionary Biology*.
331. L. Excoffier *et ál.*, "Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data", *Genetics*.
332. G. Barbujani *et ál.*, *óp. cit.*, emplearon este método.
333. Capítulo 8 de R. Soakl y FJ. Rohlf, *Biometry*, para una útil introducción al ANOVA.

334. R. Lewontin, "The apportionment of Human ...", proporciona cuatro condiciones que describen correctamente las características de cualquier medida de diversidad: "(1) Ésta debe estar en un mínimo (convenientemente, o) cuando está presente solamente un único alelo de tal forma que el locus en cuestión no muestra variación. (2) Para un número fijo de alelos, debe alcanzar un valor máximo cuando éstos están presentes en igual frecuencia—esto se corresponde con nuestra noción intuitiva de que la diversidad es mucho menor, para un número dado de clases alternativas, cuando una de estas clases es poco común. (3) La diversidad debe incrementarse de alguna forma mientras el número de alelos diferentes en la población aumenta. Específicamente, si todos los alelos son igualmente frecuentes, entonces una población con diez alelos es obviamente más diversa en cualquier sentido ordinario que una con solamente dos alelos. (4) La medida de diversidad debe ser una función convexa de las frecuencias de los alelos; esto es, una colección de individuos generada al combinar dos poblaciones siempre debe ser más diversa que el promedio de sus diversidades separadas [a saber, el Efecto Wahlund] a menos que las dos poblaciones sean idénticas en su composición." (p. 388)
335. Estos fueron desarrollados originalmente por CC. Cockerham, "Analyses of gene..."; KE. Holsinger y BS. Weir, "Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting  $F_{ST}$ ", *Nature Review of Genetics*, proporcionan una revisión reciente e instructiva de estas relaciones.
336. NA. Rosenberg *et ál.* Genetic structure of human populations, *Science*; NA. Rosenberg, "Informativeness of genetic markers for inference of ancestry", *American Journal of Human Genetics*.
337. Análisis de Componentes Principales, p.ej., P. Paschou *et ál.*, "PCA-Related SNPs for structure identification in worldwide human populations", *PLoS Genetics*.
338. JK. Pritchard *et ál.*, *óp. cit.*, lo formulan de manera útil: "Nuestras principales presuposiciones al modelar son un equilibrio Hardy-Weinberg dentro de las poblaciones y un equilibrio de ligamiento completo dentro de las poblaciones y un equilibrio de ligamiento entre los loci dentro de las poblaciones. ... Hablando de manera general, la idea aquí es que el modelo dé cuenta de la presencia de [desequilibrio] Hardy-Weinberg o de desequilibrios de ligamiento al introducir la estructura poblacional e intentar encontrar agrupamientos poblacionales que (dentro de lo posible) no están en desequilibrio... Bajo estas presuposiciones cada alelo en cada locus en cada genotipo es un esbozo independiente de la distribución de frecuencias apropiada, y esto especifica completamente la distribución de probabilidad  $Pr(X|Z, P)$ ... [Donde] X denota los genotipos de los individuos muestreados, Z denota la (desconocida) población de origen de los individuos y P denota las (desconocidas) frecuencias alélicas en todas las poblaciones" (p. 946, el énfasis es mío). Nótese que al estimar las frecuencias alélicas en las poblaciones reales y al secuenciar genotipos individuales, podemos usar el enfoque Bayesiano basado en conglomerados desarrollado por Pritchard

et ál., incorporado en el programa computacional *Structure*, para inferir la(s) población(es) de origen Z de los individuos. No por nada este artículo ha sido citado 5379 veces de acuerdo con Google Scholar, Febrero 20, 2011

339. AWF, Edwards, “Human genetic diversity: Lewontin’s Fallacy”, *Bio-Essays* pp. 798.

340. Véase MW. Feldman y RC. Lewontin, “Race, Ancestry, and Medicine”, en *Revisiting Race in a Genomic Age*, Koenig BA, Lee SS-J, Richardson SS (eds.), pp. 89-90 quienes presentan este mismo punto aunque de forma distinta.

341. NA Rosenberg et ál., “Genetic structure of human...”

342. EG. Burchard et ál. *óp. cit.*; R. Kumar et ál., “Genetic Ancestry in Lung-Function Predictions”, *The New England Journal of Medicine*.

343. JK Pritchard et ál. *óp. cit.*

344. R. Winther, “Fisherian and Wrightian Perspectives in Evolutionary Genetics and Model-Mediated Imposition of Theoretical Assumptions”, *Journal of Theoretical Biology*; R. Winther, “On the Dangers of Making Scientific Models Ontologically Independent: Taking Richard Levins’ Warnings Seriously”, *Biology and Philosophy*; R. Winther, “Part-Whole Science”, *Synthese*.

345. JK Pritchard, *óp. cit.*, p. 947.

346. Véase, H. Lawson et ál. “Going the distance: human population genetics in a clinal world”, *Trends in Genetics*.

347. KM Weiss y S. Fullerton, “Racing Around, Getting Nowhere”, *Evolutionary Anthropology*; JM. Kaplan, “Race: What Biology Can Tell Us about a Social Construct”, *Encyclopedia of the Life Sciences*, proveen de una corta y útil discusión sobre estos puntos.

348. A. Templeton, “Human Races: A Genetic and Evolutionary Perspective”, *American Anthropologist*.

349. JK Pritchard et ál. *óp. cit.*, pp. 949.

350. Véase, Bamshad et ál., “Human population genetic structure and inference of group membership”, *American Journal Human Genetics*; NA Rosenberg et ál. “Genetic structure of...”

351. NA Rosenberg et ál. “Genetic structure of...”

352. DA Bolnick, “Individual Ancestry Inference and the Reification of Race as a Biological Phenomenon”, en *Revisiting Race in a Genomic Age*, pp. 76.

353. ST Kalinowski, “The computer program *Structure* does not reliably identify the main genetic clusters within species: simulations and implications for human population structure”, *Heredity*, señala que otro problema relacionado con *STRUCTURE*, que puede conducir igualmente a varias reificaciones de los conglomerados es: “*STRUCTURE* también es usado frecuentemente para identificar los conglomerados genéticos principales dentro de las especies. En este segundo tipo de análisis, los individuos son asignados a los conglomerados... pero *K* es deliberadamente configurada para tener un valor menor al del número real de poblaciones... Los modelos matemáticos usados por *STRUCTURE* fueron diseñados para agrupar individuos en poblaciones en Hardy-Weinberg/equili-

brio de ligamiento. No fue diseñado para agrupar individuos en grupos de poblaciones, y puede que no funcione como sus usuarios pretenden cuando esto es llevado a cabo.” (pp. 1-2) La simulación de Kalinowski muestra que cuando se escogen muy pocos *K*, *STRUCTURE* agrupa a ciertos individuos que de haberse establecido un valor mayor para *K* habrían sido agrupados con otros individuos. De nuevo, esto no es un problema con las matemáticas de la probabilidad sino un problema con la interpretación de la naturaleza que imponemos partiendo de los resultados de nuestros modelos.

354. MW Feldman y RC Lewontin, *óp. cit.*, pp. 91.

355. Véase I. Hacking, “Natural Kinds: Rosy Dawn, Scholastic Twilight”, *Royal Institute of Philosophy Supplements*.

356. R. Winther, “Fisherian and Wrightian Perspectives in Evolutionary...” *óp. cit.*; R. Winther, “On the Dangers of Making Scientific Models...” *óp. cit.*

### ¿DE CUÁNTAS MANERAS PODEMOS DIVIDIR A LOS MEXICANOS? SOBRE CLASES NATURALES Y CLASES RELEVANTES

357. Agradezco al seminario de Genómica Crítica donde tuvieron lugar muchas de las discusiones que hicieron posible el desarrollo de este capítulo y por todo lo que he aprendido de los miembros de este seminario; agradezco en particular a Alfonso Arroyo quien estuvo a cargo de la revisión de este trabajo. Igualmente agradezco a Etna T. Pascacio Montijo, Raúl Rodríguez Monsiváis y Enrique Scheinvar Gottdiener por sus ideas, discusiones y comentarios que me permitieron reforzar un trabajo como este, que contempla diversas disciplinas.

358. D. Hartl y Clark, *Principles of Population Genetics*, pp.301.

359. V. García Deister (en este libro).

360. Iceland Genome Project, por de CODE Genetics, (proyecto iniciado en 1998).

361. S.D.J Pena. et ál., “Retrato molecular do Brasil”, *Ciencia Hoje*.

362. The Indian Genome Variation database (IGVdb): a project overview. Por Indian Genome Variation Consortium, (proyecto iniciado en noviembre de 2005 en la revista *Human Genetics*).

363. The genome-wide structure of the Jewish people (2010).

364. I. Silva Zolezzi, et ál., “Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico”, *PNAS*.

365. SNP: single-nucleotide polymorphism o polimorfismos de un solo nucleótido.

366. AMI: amerindian admixture mapping o mapeo genético por mestizaje con componentes amerindios.

367. López Beltrán y Vergara Silva (en este libro).

368. Comunicación personal, Edna Suárez Díaz. Agradezco el comentario de la Dra. Suárez que refleja claramente los objetivos de este ejercicio filosófico.

369. F. Navarrete, *Los pueblos indígenas de México*, p.8.
370. D. Coronel Ortiz, *Zapotecos de los Valles Centrales de Oaxaca*.
371. E. Acosta Márquez, *Zapotecos del Istmo de Tehuantepec*.
372. INALI (2008).
373. L. Cavalli Sforza, *¿Quiénes somos? Historia de la diversidad humana*.
374. R. Andreasen, "A New Perspective on the Race Debate", *The British Journal for the Philosophy of Science*; R. Andreasen, "The Cladistic Race Concept: A Defense", *Biology and Philosophy*; P. Kitcher, "Race, Ethnicity, Biology, Culture", *Mendel's Mirror, Philosophical Reflections on Biology*; R. Sundstrom, "Race as human Kind", *Philosophy & Social Criticism*.
375. H. Putnam, *Mind, Language and Reality*.
376. R. Boyd, "Homeostasis, Species, and Higher Taxa, Robert Anton Wilson", *Species, New Interdisciplinary Essays*.
377. López Beltrán y Vergara Silva (en este libro).
378. L. Valiñas, "Historia Lingüística: Migraciones y Asentamientos. Relaciones entre Pueblos y Lenguas", en Barriga Villanueva R. y Martín Butragueño P., *Historia de la Lingüística y Sociolingüística*.
379. G. Palsson y P. Rabinow, "Iceland: The Case of a National Human Genome Project", *Anthropology Today*.
380. R. Kaushik, *Biocapital. The Constitution of Postgenomic Life*, pp.61.
381. M. Goodman, *Facts, Fiction and Forecast*.
382. I. Hacking, "Natural Kinds: Rosy Dawn, Scholastic Twilight", *Royal Institute of Philosophy Supplements*.

#### CAUSALIDAD Y VARIABLES SUBROGADAS; LA FRÁGIL EPISTEMOLOGÍA DE LA CONSTRUCCIÓN GENÉTICA DEL MESTIZO MEXICANO

383. G. Lukács, *Historia y consciencia de clase*; A. Honneth, *Reificación*.
384. I. Hacking, *¿La construcción social de qué?*
385. J. Vasconcelos, *La raza cósmica*; Andrés Molina Enríquez, *Los grandes problemas nacionales*; A. Basave, *México mestizo*, Saade, López Beltrán y Vergara Silva y Guerrero McManus (en este libro).
386. En I. Silva Zolezzi et.al. "Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico", *PNAS*, "[I]os mestizos mexicanos constituyen una población mestiza (sic) de reciente formación conformada principalmente por orígenes ancestrales amerindio y europeos (sic), y en menor proporción africano (p. 1)". Asimismo, en la sección resultados, se indica que el grupo mestizos fue formado por "300 sujetos auto-definidos mestizos" (p.1) provenientes de seis estados del país, y que en su mayoría, pertenecían a las comunidades universitarias locales (sección materiales y métodos suplementarios). En la sección Materiales y métodos suplementarios, se añade que "[T]odos los participantes declararon tener cuatro abuelos

mexicanos nacidos en el estado de reclutamiento y que no se reconocen como inmigrantes recientes". Ésta y otras citas del artículo de I. Silva-Zolezzi et.al. "Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico", *PNAS*, provienen de la reimpresión en castellano del artículo publicado en inglés.

387. Ver, Claude Bernard, *Introducción al estudio de la medicina experimental*; G. Bachelard, *La filosofía del no*; H. Radder, *The Philosophy of Scientific Experimentation*; H. J. Rheinberger, *Toward a history of epistemic things: synthesizing proteins in the test tube*.

388. R. Viale, *Biological and cultural bases of human inference*; J. D. Norton, "A material theory of induction", *Philosophy of Science*; R. Cummins, "Cross domain inference and task embedding", en Cummins, Robert y Pollock, John, *Philosophy and Artificial Intelligence: essays at the interface*; P. N. Johnson Laird, "Mental Models: Towards a Cognitive Science of Language, Inference and Consciousness", *Cognitive Science Series*.

389. P.S. Laplace, *Ensayo filosófico sobre las posibilidades*.

390. S.F. Martínez, "El azar en la mecánica cuántica: de Bohr a Bell." *Revista Hispanoamericana de Filosofía*.

391. Ver, Buchanan (2009); P.E. Griffiths y K. Stotz, "How scientists conceptualize genes: An empirical study", *Studies in History & Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*; L. Moss, *What Genes Can't Do*; H. Pearson, "Genetics: What is a gene?" *Nature*; H. J. Rheinberger, "Gene concepts: fragments from the perspective of molecular biology", en Beurton, P. J., Falk, Ralph, Rheinberger, H. J., *The Concept of the Gene in Development and Evolution: Historical and Epistemological Perspectives*; C. K. Waters, "Genes made molecular", *Philosophy of Science*.

392. Es importante observar que muchos textos sobre probabilidad hablan de incertidumbre. Sin embargo, en ese caso, por incierto se entiende cualquier cosa de lo que uno no esté completamente seguro. Aun así, se presume que se sabe algo del fenómeno en cuestión lo que permite calcular el grado de lo incierto, lo que típicamente se traduce en algún grado de probabilidad como se discute en el texto. Aun así, para el caso que nos ocupa, por incierto se habla de aquello de lo que se tiene poca o nada de idea lo que problematiza el tipo de cálculos en que se basa la probabilidad.

393. Para una discusión más detallada sobre las diversas interpretaciones de la probabilidad, Ver, Gillies (2000).

394. En J. L. Roller, *Probabilidad, causalidad y explicación*, se presenta otra noción de probabilidad para casos particulares que bien podría resolver este problema.

395. I. Silva Zolezzi, "Analysis of genomic diversity in mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico", *PNAS*.

396. Ver sección resultados.

397. Y si existe tal marco, entonces la inferencia descansa sobre una red de elementos y no sólo sobre la estadística.

398. I. Silva Zolezzi, *óp. cit.*
399. Para una discusión más amplia ver, Arroyo-Santos, “A study case of nested controversies in phylogeography”, *Manuscrito*.
400. Ver, R. Lewontin, “Evolution and the Theory of Games”, *Journal of Theoretical Biology*; Smith Maynard, “The Logic of Animal Conflict”, *Nature*; Axelrod, *The Evolution of Cooperation*, desde el lado de la biología; Samuelson (en Crowley, *The collected scientific papers of Paul A. Samuelson*), H. Simon, @Altruism and economics@, *American economic review*, desde los modelos económicos.
401. Ver, M. Bamshad, “Genetic influences on health: Does race matter?”, *JAMA*; M. Bamshad, “Deconstructing the relationship between genetics and race”, *Nature reviews genetics*; Nadia El-Haj, “The genetic reinscription of race”, *Annual Review Of Anthropology*; L. Jorde, “Population genomics: a bridge from evolutionary history to genetic medicine”, *Human molecular genetics*; R. Kittles y M. Weiss, “Race, ancestry and genes: implications for defining disease risk”, *Annual Review of Genomics and Human Genetics*; Teri Manolio, “Finding the missing heritability of complex diseases”, *Nature*; S. A. Tischkoff, “Implications of biogeography of human populations for “race” and medicine”, *Nature Genetics*; N. Yang, ““Examination of ancestry and ethnic affiliation using highly informative diallelic DNA markers: application to diverse and admixed populations and implications for clinical epidemiology and forensic medicine”, *Human Genetics*..
402. Para una discusión más detallada, ver Pascacio (En este libro).
403. Para un recuento pormenorizado, ver López Beltrán y Vergara Silva (En este libro).
404. International HapMap Consortium, “The International HapMap Project”, *Nature*; “A Haplotype Map of the Human Genome”; “A second generation human haplotype map of over 3.1 million SNPs”, *Nature*.
405. P. De Bakker, “Transferability of tag SNPs in genetic association studies in multiple populations”, *Nature Genetics*; D. Conrad, “A worldwide survey of haplotype variation and linkage disequilibrium in the human genome”, *Nature Genetics*.
406. Sólo para la trivía comentar que la población “Colombianos” es en realidad la mezcla de dos grupos distintos, los Piapoco y los Curripaco que viven en la Amazonia de Colombia y Venezuela. El porqué se les agrupó y llamó “Colombianos” es una de las muchas preguntas interesantes que se le puede hacer a los guardianes del panel de líneas celulares de diversidad genética humana ([www.cephb.fr](http://www.cephb.fr)), fuente de información para el grueso de artículos científicos que discuten la variabilidad humana. De Bakker y Conrad son dos ejemplos.
407. G. Hellenthal, “Inferring human colonization history using a copying model”, *PLOS Genetics*.
408. Para aquellos individuos que colonizan un nuevo territorio, sus *donantes* (genéticos) son aquellos que formaban la población anterior la que pertenecían.
409. Para los casos de Hellenthal y Conrad, ver Cavalli Sforza, “The human genome diversity project: past, present and future”, *Nature Reviews Genetics*.

410. Noviembre, “Genes mirror geography in Europe, *Nature*, o Lao, “Correlation between genetic and geographic structure in Europe”, *Current Biology*. En estos estudios, logran construir un mapa genético de Europa que correlaciona casi perfectamente con las fronteras políticas. La idea que la genética correlaciona con la geografía es uno de los argumentos principales para justificar la existencia de grandes grupos humanos. Por ejemplo, que existen cinco grandes grupos que tienen que ver con los continentes, NA Rosenberg, “Genetic structure of human populations”, *Science*. Sin embargo, tal resultado depende en gran medida de cómo se cuenten las diferencias dado que estadísticamente, bien podrían justificarse 10, 20 ó 100 grandes grupos, D. Serre y Svante Pääbo, “Evidence for gradients of human genetic diversity within and among continents”, *Genome Research*, para una crítica en este sentido.
411. Margules y Sarkar, *Planeación sistemática de la conservación*.
412. Swapan Das, “The Genetic Basis of Type 2 Diabetes”, *Cell science*, p. 100.
413. *Loc. cit.*
414. Van Hoek, “Predicting type 2 diabetes based on polymorphisms from genome-wide association studies: a population-based study”, *Diabetes*; V. Lysenko, “Clinical risk factors, DNA variants, and the development of type 2 diabetes”, *New England Journal of Medicine*; J. B. Meigs, “Genotype score in addition to common risk factors for prediction of type 2 diabetes”, *New England Journal of Medicine*; E. Dickinson, “Predictive genetic testing for type 2 diabetes”, *British Medical Journal*,
415. S. Grant, “Variant of transcription factor 7-like 2 (TCF7L2) gene confers risk of type 2 diabetes”, *Nature Genetics*.
416. C. Duncanson, “Polymorphisms in the transcription factor 7-like 2 (TCF7L2) gene are associated with type 2 diabetes in the Amish: replication and evidence for a role in both insulin secretion and insulin resistance”, *Diabetes*; Jet Florez, “TCF7L2 polymorphisms and progression to diabetes in the Diabetes Prevention Program”, *New England Journal of Medicine*; V. Lyssenko, “Mechanisms by which common variants in the TCF7L2 gene increase risk of type 2 diabetes”, *Journal of Clinical Investigation*; R. Saxena, “Common single nucleotide polymorphisms in TCF7L2 are reproducibly associated with type 2 diabetes and reduce the insulin response to glucose in nondiabetic individuals”, *Diabetes*.
417. *Loc. cit.*
418. Por ejemplo, la anemia falciforme está estrechamente vinculada a individuos con ancestría africana a pesar de que en la página de la Organización Mundial de la Salud dice que “la anemia falciforme afecta a millones de personas alrededor del mundo. Es particularmente común entre personas cuyos ancestros provienen de África Sub-Sahariana, Sudamérica, Cuba, Centroamérica, Arabia Saudita, India, y países mediterráneos como Turquía, Grecia e Italia” (<http://www.who.int/genomics/public/geneticdiseases/en/index2.html#SCA>). Eso sí, es una de las enfermedades genéticas de mayor prevalencia en Estados

## Notas

Unidos, donde el grueso de los enfermos son de “ancestría” africana; quizá si la mayoría de los enfermos fuesen de origen “italiano” el vínculo ancestral sería diferente. De cualquier manera, ver N. Yang, “Examination of ancestry and ethnic affiliation using highly informative diallelic DNA markers: application to diverse and admixed populations and implications for clinical epidemiology and forensic medicine”, *Human Genetics*, como justamente, se apoyan en el vínculo entre la anemia falciforme y la ancestría africana para argumentar que de la misma manera, habrá un vínculo entre ancestría y enfermedades complejas.

419. Aun así, cada tanto aparecen científicos dispuestos a dar una explicación en términos de genética de poblaciones. La teoría más popular es la del gen ahorador de J. V. Neel, “Diabetes mellitus: a “thrifty” genotype rendered detrimental by “progress”?”, *American Journal of Human Genetics*. Para una discusión más amplia, ver M. Montoya, “Bioethnic conscription: genes, race, and Mexicana/o ethnicity in diabetes research”, *Cultural Anthropology*; Yin Paradies, “Racialized genetics and the study of complex diseases”, *Perspectives in Biology and Medicine*.

420. Encuestas nacionales de salud (2000 y 2006).

---

## AUTORES

---

ALFONSO ARROYO SANTOS Investigador posdoctoral en el Posgrado en Filosofía de la Ciencia de la UNAM. Le interesa comprender mejor cómo se genera, justifica, y transmite el conocimiento científico. En la actualidad, su trabajo se ha centrado en estudiar el uso de metáforas e idealizaciones en la construcción de conceptos científicos, y en comprender mejor las distintas maneras en que se pueden hacer inferencias a partir de lo que sabemos.

ANA BARAHONA ECHEVERRÍA es Doctora en Ciencias (Biología) por la UNAM. Profesora titular en la Facultad de Ciencias de la misma casa de estudios. Es investigadora del SNI en nivel II. Es coordinadora del departamento de biología evolutiva en la UNAM. Entre sus más recientes publicaciones se encuentran: *Darwin y la selección natural* (2009), Editorial MacMillan; *Ciencia y Tecnología I (Biología)* Editorial MacMillan/ Castillo (2008); 2000, 2002, 2004. *Genética: la continuidad de la vida*, (2004), FCE.

CARLOS GALINDO es actuario por la UNAM y Maestro en Demografía por el Colegio de México. Tiene estudios de posgrado en investigación estadística y demográfica por el Instituto Max Planck de Alemania. Actualmente estudia el Doctorado en Filosofía de la Ciencia en la UNAM. Profesionalmente, se ha desempeñado como diseñador de procedimientos de información en el INEGI, subdirector de análisis sociodemográfico en el CONAPO y como consultor en diversos proyectos para instituciones gubernamentales.

mentales y empresas privadas. Ha publicado varios libros y artículos sobre temas de población, el más reciente se titula *Caleidoscopio de remesas en México y el mundo*.

VIVETTE GARCÍA DEISTER Estudió la licenciatura en Biología en la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), y la maestría en Filosofía de la Ciencia (completada en 2005) en la misma institución. En 2009, terminó su doctorado en Estudios Filosóficos y Sociales de la Ciencia y la Tecnología en la UNAM, con su trabajo titulado “Interruptores, baterías y redes: complejidad gerencial en las regulaciones de genes”. También es Profesora Auxiliar en la Historia y Filosofía de la Biología en la UNAM y ha pasado períodos como investigador en el Instituto Max Planck para la Historia de la Ciencia, Berlín, y en el Departamento de Filosofía, Universidad de California, Davis. Actualmente está contrada como postdoctorada en el proyecto “Raza, genómica y mestizaje en América Latina: una perspectiva comparativa” en la Universidad de Marchester, Inglaterra.

RASMUS GRØNFELDT WINTHER Es estudiante afiliado al Centro para la Biocomplejidad (Instituto Niels Bohr-Universidad de Copenhague) y al Centro de Filosofía en Ciencias Naturales y Sociales, también dependiente de la Universidad de Copenhague. Es también profesor auxiliar de filosofía en la Universidad de California, Santa Cruz, y fue, desde el 2003 hasta el 2007, profesor auxiliar en el Instituto de Investigaciones Filosóficas en la Universidad Nacional Autónoma de México (siendo, en la actualidad, colaborador de esta universidad). Estudió la licenciatura y la maestría en Filosofía en la Universidad de Stanford, y otra maestría y un doctorado (2003) en Historia y Filoso-

fía de la Ciencia, así como también una maestría en Biología en la Universidad de Indiana, Bloomington.

Sus temas de interés son los fundamentos filosóficos de la biología evolutiva, la genética, la cognición y la biotecnología/neurotecnología. Ha publicado más de 20 artículos en revistas prestigiosas y arbitradas en el campo de la filosofía, como *Philosophy of Science*, *Synthese*, *Biology and Philosophy*, y *Metascience*, y en el campo de la biología, como *PNAS*, *Journal of Theoretical Biology*, *Journal of Experimental Zoology* y *Acta Biotheoretica*. Su red de contactos es extensa, y se expande por universidades prestigiosas como la Universidad de Chicago, Berkeley, el MIT, Notre Dame, Humboldt (Berlín), Cambridge, y la London School of Economics, entre otras. Consulte su página personal para más información: [www.rgwinther.com](http://www.rgwinther.com)

FABRIZIO GUERRERO MCMANUS Estudió Biología en la UNAM entre el 2000 y el 2004. Uno de sus trabajos más destacados durante este período es el extensivo estudio que realizó sobre el género “*Jatropha*”. Del 2004 al 2006 estudió la maestría en Filosofía de la Ciencia en la UNAM. Su tesis de maestría se enfocó en los problemas de la reconstrucción filogenética. Por este trabajo, ganó dos premios: El premio “Norman Sverdlin” por la mejor tesis de filosofía hecha en el 2006, y la medalla “Alfonso Caso”, de la UNAM. Es doctor en filosofía de la ciencia por la UNAM, su tesis doctoral se tituló: “La homosexualidad a la luz de la filosofía de la ciencia: Mecanismos biológicos, subjetividad y poder”.

CARLOS LÓPEZ BELTRÁN Estudió biología experimental, letras hispánicas, filosofía de la ciencia e historia de la ciencia en varias universidades de México e Inglaterra. Es



investigador titular en el Instituto de Investigaciones Filosóficas de la UNAM. Sus trabajos académicos han sido publicados en revistas y colecciones especializadas en varios idiomas y países.

Es autor de los libros *El Sesgo Hereditario* (UNAM, 2004), *La Ciencia como Cultura* (Paidós, 2005). Editó también *Perspectivas y horizontes de la Filosofía de la Ciencia a la vuelta del tercer milenio*, Vol. III (UNAM, 2006) y, con Frida Gorbach, *Saberes locales; Ensayos sobre historia de la ciencia en América Latina* (El Colegio de Michoacán, 2004). Ha publicado cuatro libros de poemas. Elaboró y publicó con Pedro Serrano el libro *La Generación del Cordero* (Antología de Poesía Británica Contemporánea); Trilce, (2000).

YURIDITZI PASCACIO MONTIJO es licenciada en biología y obtuvo el doctorado en Filosofía de la Ciencia de la UNAM con su tesis sobre clasificación e inteligencia humana. Realizó una estancia en la Universidad de California de Santa Cruz. Actualmente es profesora de asignatura de la Facultad de Ciencias en la carrera de Biología de la Facultad de Ciencias de la UNAM.

MARTA SAADE GRANADOS es profesor-investigador de la Universidad Externado de Colombia, miembro del Centro de Pensamiento Latinoamericano RaizAL. También enseña en la UNAL de Colombia. Tiene un doctorado en Historia y Etnohistoria por la ENAH. Su tesis doctoral “El mestizo no es de color; ciencia y política publicas mestizófilas 1920-1940” obtuvo el premio Clavijero a la mejor tesis en Historia en 2010. Entre otras obras es autora del libro *La ciudad en cuarentena; chicha, patología social y profilaxis*, Ministerio de Cultura, Bogotá. 1998.

ERNESTO SCHWARTZ MARÍN. Terminó su doctorado en Genómica y Sociedad en EGENIS (ESRC Centre for Genomics in Society) en la Universidad de Exeter. Su tesis explora la construcción de “la soberanía genética” en México. Antes, hizo un Masters en Genómica y Sociedad en la Universidad de Exeter y previamente terminó sus estudios de pregrado en Asuntos Internacionales en el Instituto Tecnológico de Estudios Superiores de Monterrey.

EDNA SUÁREZ DÍAZ es Doctora en Ciencias por la Facultad de Ciencias de la UNAM y profesora de tiempo completo en la División de Estudios de Posgrado. Ha realizado estancias de investigación en la Universidad de California Irvine, la Universidad de Harvard y el Max Planck Institute für Wissenschaftsgeschichte en Berlín, Alemania (2005-2008). Hoy en día forma parte del Grupo de Estudios Sociales de la Ciencia y la Tecnología en la Facultad de Ciencias de la UNAM.

Se especializa en Historia y Filosofía de la Biología, Epistemología Histórica, y los Estudios Sociales de la Ciencia y la Tecnología. Sus principales líneas de investigación son la historia y filosofía de la biología molecular, en particular del campo de la evolución molecular y la genómica, y la historia de la objetividad en la biología del siglo XX. Actualmente investiga la historia de los usos de marcadores moleculares en el estudio de poblaciones humanas en México; los procesos de estandarización e internacionalización de la ciencia en la posguerra; y la relación ciencia-tecnología-democracia.

FRANCISCO VERGARA SILVA es investigador del Instituto de Biología de la UNAM.

---

## AGRADECIMIENTOS

---

Tres proyectos de investigación apuntalaron los esfuerzos que confluyen en este volumen. Uno de CONACYT (“Estudios Filosóficos de la Nueva Genética” CB2007.83177-H). Uno de la UNAM (PAPIIT IN405609, “Clasificación racial en la antropología y la medicina mexicanas del siglo xx”) y otro más de la ESRC británica (Race, Genomics and Mestizaje (Mixture) in Latin America: A Comparative Approach” RES-062-23-1914).

El Seminario de Genómica Crítica del Instituto de Investigaciones Filosóficas de la UNAM (2005-2010) fue el espacio donde se inició y desarrolló en gran medida el trabajo que respalda la mayoría de estos trabajos.

Agradecemos a Guillermo Hurtado, director del Instituto, su interés y constante apoyo. Manola Rius, la jefa de publicaciones del Instituto, también merece nuestra gratitud.

Entre numerosos colegas, auditorios y lectores que brindaron generosos insumos a nuestros esfuerzos, destacamos los comentarios, críticas y recomendaciones de Miguel Ángel Cevallos Gaos, Mechthild Rutsch, Maximiliano Martínez, Peter Wade, Eduardo Restrepo y Ricardo Ventura Santos que han sido fundamentales para mejorar nuestras ideas y exposiciones

La labor de edición y preparación de textos estuvo a cargo de Rodrigo Ochoa apoyada por Alejandra Ocaña.

La traducción al español del texto de Rasmus G. Winther es de Fabrizzio Guerrero McManus, revisada por el autor.

---

## BIBLIOGRAFÍA

---

- ACI, Médicos Católicos rechazan centro de manipulación genética, México, 20 de Septiembre 2002
- Acosta Cazares, B. et al, (2000), Scientific colonialism and Safari research, *Clinical Medicine & Health Research*, enero.
- Acosta Márquez, E., (2007), Zapotecos del Istmo de Tehuantepec: [www.cdi.gob.mx](http://www.cdi.gob.mx)
- Affimetrix, (2006), INMEGEN Looks to Map the Genome of Mexico's Mestizo Population. Interview with Gerardo Jiménez-Sánchez, Affimetrix UserForum, Septiembre 1.
- <http://www.affimetrix.com/userForum/news/collaborations/Inmegen.uf>
- Aguilar, A., (2009), Genoma y virus, *Excelsior*, 17 de mayo.
- Alcántara, L., (2007a), Genes mexicanos, mezcla de 35 razas, *El Universal*, 9 de marzo.
- Alcántara, L., (2007b), Listo, el mapa genómico de los mexicanos, *El Universal*, 9 de marzo.
- Alexander, R., (2009), Fortunate sons of the Revolution: Miguel Alemán and Civilian Rule in Mexico 1946-1952 Ponencia en Congreso de la American Historical Association, San Diego, enero.
- Alves Silva, J., et al, (2000), The Ancestry of Brazilian mtDNA Lineages. *American Journal of Human Genetics*, agosto 67(2), pp. 444-461.
- Andreasen, R., (1998), A New Perspective on the Race Debate, *The British Journal for the Philosophy of Science*, 94, (2), pp. 199-225.
- “—”, 2004, The Cladistic Race Concept: A Defense, *Biology and Philosophy*, 19, pp. 425-442.
- Anon (2003) Acta de la reunión de trabajo de la comisión de relaciones exteriores organismos internacionales, celebrada el 23 de abril de 2003, en la sala miguel ramos arizpe, a las 15.00 hrs.
- Anónimo, (2005b), México traza su mapa genético, BBC world, [http://news.bbc.co.uk/1/hi/spanish/science/newsid\\_4720000/4720951.stm](http://news.bbc.co.uk/1/hi/spanish/science/newsid_4720000/4720951.stm)
- Anónimo, (2007a), Los genes mexicanos, la pasión de Gerardo Jiménez Sánchez, *El Siglo de Torreón*, 28 marzo.
- Anónimo, (2009), Gerardo Jiménez descifra el mapa genómico de los mexicanos, entrevista a GJS, *Revista Contenido*, 1 de julio, consulta electrónica en [http://goliath.ecnext.com/coms2/gi\\_0199-10960199/Gerardo-Jimenez-descifra-el.html](http://goliath.ecnext.com/coms2/gi_0199-10960199/Gerardo-Jimenez-descifra-el.html)
- Armendares, S.; Lisker, R., (1993), *La genética humana*, en: Aréchiga, H. & Somolinos, J. (eds.) (1993), *Contribuciones mexicanas al conocimiento médico*, México, ANM/AIC/FCE. pp. 265-278.
- Aronson, JD, (2002), *Molecules and Monkeys*, George Gaylord Simpson and the

## Bibliografía

- Challenge of Molecular Evolution. *History and Philosophy of the Life Sciences*, 24, pp. 441-465.
- Arteaga, B. (2002), *A gritos y sombreros. Historia de los debates sobre educación sexual en México 1906-1946*. México, Miguel Ángel Porrúa - Universidad Pedagógica Nacional.
- Arteaga, C. et., al., (1952), Blood agglutinogens of Mexicans.
- Arroyo Santos, A.; Vergara Silva, Francisco; Olson, Mark E., (2011), A study case of nested controversies in phylogeography, Manuscrito.
- Asclepio, *Revista de historia de la medicina y de la ciencia*, Madrid: CSIC. V. LI. Fase 2 ASF (2006) Informe del Resultado de la Revisión y Fiscalización Superior de la Cuenta Pública 2006. Sección T5V4: Sección 5.5
- Axelrod, R. (1984), *The Evolution of Cooperation*, Basic Books, Nueva York.
- Bachelard, G. (1984), *La filosofía del no*, Amorrortu Editores, Buenos Aires.
- Bamshad, M. (2005a), Genetic influences on health: Does race matter?, *JAMA*, vol. 294, no. 8, pp. 937-946.
- Bamshad, M et al, Deconstructing the relationship between genetics and race, *Nature reviews genetics*, vol. 5, pp. 598-609.
- Bamshad MJ, et., al., (2003), Human population genetic structure and inference of group membership. *American Journal Human Genetics*, 72, pp. 578-589.
- Bamshad, M; Olson, S., (2003), Does race exist?, *Scientific American*, 10 Noviembre.
- Barahona, A., (2009), *La Genética en la Medicina en México*, CONACYT/DGAPA y Facultad de Ciencias/UNAM.
- Barahona, A.; Pinar, S.; Ayala, J., (2003), La Genética en México. Institucionalización de una Disciplina, Coordinación de Humanidades/UNAM.
- Barbujani, G, et ál. (1997), "An apportionment of human DNA diversity", *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 94: 4516-4519.
- "—", et ál. (2001), "Race Genetics Aspects", *International Encyclopedia of the Social & Behavioral Sciences*, Elsevier Science.
- Basave, A., (1992), *México mestizo*, Mexico, D.F., Fondo de Cultura Económica.
- Beatty, J., (1991), Genetics in the Atomic Age; The Atomic Bomb Casualty Commission, 1947-1956, en Benson, K. R., et., al., *The Expansion of America Biology*, London, Rutgers University Press., pp. 284-324.
- Bernard, Claude, (2005), *Introducción al estudio de la medicina experimental*, Crítica, Madrid.
- Bliss, C., (2009), *The New Science of Race: Sociological Analysis of the Genomic Debate Over Race*, Tesis doctoral, Sociología, New School for Social Research, NY:NY.
- Bolnick DA., (2008), Individual Ancestry Inference and the Reification of Race as a Biological Phenomenon, en *Revisiting Race in a Genomic Age*, Koenig BA, et ál., Rutgers University Press, pp. 70-85.
- Bonfil Batalla, G. (1987), *México Profundo: una civilización negada*, México, Grijalbo.
- Boyd, R., (1999), Homeostasis, Species, and Higher Taxa, Robert Anton Wilson, *Species*, New Interdisciplinary Essays, MIT Press, MA.

## Bibliografía

- Boyd, C., (1963), Genetics and the Human Race, *Science*, 140, pp. 1057-1063.
- Buettner Janusch, J., (1962), Biochemical genetics of the Primates Hemoglobins and Transferrins, *Annals of the New York Academy of Sciences*, 102, pp. 235-248.
- Burchard EG., et ál., (2003), The importance of race and ethnic background in biomedical research and clinical practice, *The New England Journal of Medicine* 348, pp. 1170-1175.
- Calderon, F. (2009) Discurso en el marco de la entrega del Mapa del Genoma de los Mexicanos. Mayo 11 de 2009, Residencia Oficial de los Pinos.
- Carrillo, Rafael "Aspecto médico-social de la maternidad consciente": *Puericultura*, T. III, No. 35, septiembre, p. 367-378.
- Castrillón, L., (2009), El Genoma derrumba el concepto de razas, *Milenio Semanal*, pp. 605, 25 mayo.
- Cavalli-Sforza, L., (1994), *¿Quiénes somos? Historia de la diversidad humana*, Crítica, Barcelona.
- Cavalli-Sforza, L., (1996), *The Great Human Diasporas: The History of Diversity and Evolution*, Addison Wesley Publishing Company.
- Cavalli-Sforza, L., (2001), *Genes, Peoples and Languages*, University of California Press.
- Cavalli-Sforza, L., (2005), The human genome diversity project: past, present and future, *Nature Reviews Genetics*, vol. 6, pp. 333-340.
- Cavalli-Sforza, L.; Menozzi, Paolo; Piazza, Alberto, (1994), *The History and Geography of Human Genes*, Princeton University Press, New Jersey.
- Cházaro, Laura, (2008), "Regímenes e instrumentos de medición: Las medidas de los cuerpos y el territorio nacional en el siglo XIX en México", *Nuevos Mundos Nuevos*, Coloquios.
- Chiang, H., (2009), The Laboratory of Discrete Molecular Separation: The Historical Development of Gel Electrophoresis and the Material Epistemology of Biomolecular Science, 1945-1970. *Journal of the History of Biology*, 42, pp. 495-527.
- Cockerham, CC., (1969), Variance of gene frequencies. *Evolution* 23, pp. 72-84.
- Cockerham, CC. (1973), Analyses of gene frequencies. *Genetics* 74, pp. 679-700.
- Conrad, D et al (2006), A worldwide survey of haplotype variation and linkage disequilibrium in the human genome, *Nature Genetics*, Vol. 38, no. 11, pp. 1251-1260.
- Cooper R.S., et ál., (2003), Race and Genomics, *The New England Journal of Medicine*; 348(12). pp. 1166-1170
- Coronel, Ortiz, D., (2006), *Zapotecos de los Valles Centrales de Oaxaca*, en: [www.cdi.gob.mx](http://www.cdi.gob.mx)
- Crowley, K., (1986), *The collected scientific papers of Paul A. Samuelson*, MIT Press, Cambridge.
- Cummins, Robert, (1992), Cross domain inference and task embedding, Cummins, Robert y Pollock, John, *Philosophy and Artificial Intelligence: essays at the interface*, MIT Press, Cambridge.
- Daar, A.S.; Singer P.A., (2005), Pharmacogenetics and geographical ancestry:

## Bibliografía

- implications for drug development and global health. *Nature Review Genetics*, 6, pp. 241-246.
- Das, Swapan K.; Elbein, Steven C, (2006), The Genetic Basis of Type 2 Diabetes, *Cell science*, vol. 2, no. 4, pp. 100-131.
- Davenport, B., (1940), *Medical Genetics and Eugenics*, Filadelfia: Woman's Medical College of Pennsylvania.
- Davis, B., (1964), Disc electrophoresis II: Method and Application to Human Serum Proteins, *Annals of the New York Academy of Sciences*, 121, pp. 404-427.
- Damcott, Coleen, M., Pollin, Toni, I. Reinhart, Laurie J., Ott, Sandra H., Shen, Haiqing, Solver, Kristi D., Mitchell Braxton D., Shuldner, Alan, (2006), "Polymorphisms in the transcription factor 7-like 2 (TCF7L2) gene are associated with type 2 diabetes in the Amish: replication and evidence for a role in both insulin secretion and insulin resistance", *Diabetes*, vol. 55, pp. 2654-2659.
- De Bakker, P. et al (2006), Transferability of tag SNPs in genetic association studies in multiple populations, *Nature Genetics*, vol. 38, no. 11, pp. 1298-1303
- De Chadarevian, S., (1998), "Following molecules: Hemoglobin between the clinic and the laboratory", In S. de Chadarevian & H. Kammaing, pp. 171-201.
- De Chadarevian, S.; Kaminga Harmke, (1998), *Molecularizing Biology and Medicine. New Practices and Alliances 1910-1970s*. Australia. Harwood Academic Publishers.
- De la Cruz, I., et ál., (2008), Sex identification of children sacrificed to the ancient Aztec rain gods in Tlatelolco. *Current Anthropology*, 49(3): 519-526.
- De Garay, A. L., (1960), Programa de Genética y Radiobiología, Informe de Labores 1960.
- Delgado, G. (2002) Biopiracy and Intellectual Property as the Basis for Biotechnological Development, *International Journal of Politics, Culture and Society*, Vol. 16, No. 2, Winter.
- Comisión Nacional de Energía Nuclear, Archivo de Información, Biblioteca del ININ, México.
- Dickinson, E. (2006), Predictive genetic testing for type 2 diabetes, *British Medical Journal*, vol. 333, pp. 509-510.
- Dreifus, C., (2008), A genetics Pioneer see a Bright Future, Cautiously. A conversation with Arno Motulsky, *The New York Times*, Abril 29.
- Dronamraju, K. R., (1989), *The Foundation of Human Genetics*, Illinois, Charles C. Thomas Pub.
- Edwards AWF, (2003), Human genetic diversity: Lewontin's Fallacy. *BioEssays* 25, pp. 798-801.
- Efstathiou, S. (2007). Found Science, Found Race Science. ISHPSSB meeting; Exeter, July.
- El-Haj, Nadia A., (2007), The genetic reinscription of race, *Annual Review Of Anthropology*, no. 36, pp. 283-300.
- ELSI, México, D.F., a 22 de abril de 2008, Oficio No. INMG/DG/---/2008, Asunto: Opinión a diversas iniciativas de reforma a la Ley General de Salud en materia de Genoma Humano y Soberanía Genómica

## Bibliografía

- Enciso, A. (2006), "Resultados Genómicos del Mexicano" *La Jornada* de San Luis, 9 de mayo.
- Encuesta Nacional de Salud Pública y Nutrición, (2000), Instituto Nacional de Salud Pública, Cuernavaca.
- Escamilla, Michael, et ál., (2009), A schizophrenia gene locus on chromosome 17q21 in a new set of families of Mexican and Central American ancestry: evidence from the NIMH genetics of schizophrenia in Latino populations study, *American Journal Of Psychiatry* AIA, pp. 1-8.
- Estrada-Gil J., et ál., (2006), Evaluación de la contribución ancestral en poblaciones mestizas mexicanas y sus efectos en la preservación del desequilibrio de ligamiento. Presentación en el II Congreso Nacional de Medicina Genómica, México, D.F.
- Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM, (1992), Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131, pp. 479-491.
- Falcón Lezama, J., et ál., (2009), HLA class I and II polymorphisms in Mexican Mestizo patients with dengue fever, *Acta Tropica*, 112, pp. 193-197.
- Feldman MW, Lewontin RC. 2008. "Race, Ancestry, and Medicine", en *Revisiting Race in a Genomic Age*, Koenig BA, Lee SS-J, Richardson SS (eds.), Rutgers University Press, pp. 89-101.
- Florez, Jet al (2006), TCF7L2 polymorphisms and progression to diabetes in the Diabetes Prevention Program, *New England Journal of Medicine*, vol. 355, pp. 241-250.
- Flores, J., (2009), Influenza y medicina genómica, *La Jornada*, 14 de mayo de 2009.
- Foucault, M., [2006(1977-78)] *Security, Territory and Population*, Lectures at the College de France. Ed. Michel Senellart. Picador 2007, New York.
- Fowler, W., (2008), *Gobernantes Mexicanos*, Tomo II, Fondo de Cultura Económica, México.
- Frenk-Mora, J. (2001) México en el umbral de la era genómica. Impacto en la salud pública, cuadernos FUNSALUD.
- Frenk-Mora, J. (2005) Inauguración de las unidades de alta tecnología del INMEGEN, instalaciones del Instituto Nacional de Medicina Genómica.
- Frenk-Mora, J., (2004) Entrevista en el marco de la creación del instituto de medicina genómica, Abril 24 de 2009.
- Frudakis, T., (2008), The Legitimacy of Genetic Ancestry Tests, *Science*, vol. 318, no. 5849.
- Fuentes Berain, R., (2006), Los genes de México, *Día siete*, 365, pp. 57-71.
- Fullwiley, D., (2008), The Biological Construction of Race: 'Admixture' Technology and the New Genetic Medicine, *Social Studies of Science*; 38 (5), pp. 695-735.
- Funes, Patricia, (2006), *Salvar la nación. Intelectuales, cultura y política en los años veinte latinoamericanos*, Buenos Aires, Prometeo Libros.

## Bibliografía

- FUNSALUD, (2002). Informe Bial 2001-2002, México, D.F., Fundación Mexicana para la Salud A.C.
- Gaceta Parlamentaria, Cámara de Diputados, número 1486-II, jueves 29 de abril de 2004.
- Gaceta Parlamentaria, número 2480-I, martes 8 de abril de 2008. (1567) Minuta de la Cámara de Senadores con proyecto de decreto, que adiciona la fracción IX Bis al artículo 30., un Título Quinto Bis y su Capítulo Único, y el artículo 421 Ter de la Ley General de Salud
- Gaceta Parlamentaria, número 902-I, lunes 17 de diciembre de 2001. (389)
- Gamio, Manuel, (2006 [1916]), *Forjando Patria*. México, Editorial Porrúa.
- Gamio, Manuel, (1979 [1922]), *La población del Valle de Teotihuacán*. México: Instituto Nacional Indigenista. ed. Facsimilar de la edición de la Secretaría de Educación Pública – Departamento de Antropología.
- Gannett, L.; Griesemer J., (2004), Classical genetics and the geography of genes, Rheinberger, H. J.; Gaudilliere, J. P. (eds.). *The Mapping Cultures of Twentieth Century genetics*, New York, Routledge.
- Garduño, G and Nava de los Reyes, A. (2008) Derechos humanos y el mapa genético, de poder a poder, diario electrónico . Entrevista con el Dr. Santiago March, 11 de marzo de 2008.
- Gibson, C.; Jung, K., (2005), Historical Census Statistics On Population Totals by Race, 1790 to 1990, and By Hispanic Origin, 1970 to 1990, For Large Cities and Other Urban Places in the United States, Working Paper 76, Population Division, US Census Bureau.
- Gerhard, P., (1979), *The southeast frontier of New Spain*, Princeton University Press.
- Gómez, Izquierdo, J. (2005) Racismo y nacionalismo en el discurso de la élite mexicana: Historia Patria y Antropología, Gómez Izquierdo J.J. (ed.) *Los Caminos del Racismo en México*. México, UAP-Plaza y Valdés.
- Gómez-Salgado A., (2009) Opacidad y corrupción en la construcción del INMEGEN. Milenio Diario
- Gómez, Vique, H; Rico Flores, G., (2008), El paradigma de biotecnología y la medicina genómica: ¿Un obstáculo o una oportunidad de integración para la industria farmacéutica mexicana?, Congreso de Sistemas de Innovación para la Competitividad.
- Goncalves, V., et al, (2008), The Phylogeography of African Brazilians, *Human Heredity*, 65, pp. 23-32.
- González, J. (2005). *Genoma humano y dignidad humana*, Barcelona, Anthropos-UNAM.
- González Martín, A., et ál., (2008). Analyzing the genetic structure of the Tepehua in relation to other neighbouring Mesoamerican populations. A study based on allele frequencies of STR markers, *American Journal of Human Biology*, 20, pp. 605-613.
- Goodman, M., (1962), Immunochemistry of the Primates and Primate Evolution. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 102, pp. 219-234.

## Bibliografía

- Goodman, M., (1960), On the emergence of intraspecific differences in the protein antigens of human beings, *The American Naturalist*, 94(875), pp. 153-166.
- Goodman, M., (1997), "Bred in the Bone?", *Sciences*, 37(2), pp. 20-25.
- Goodman, M, (1954), *Facts, Fiction and Forecast*, Bobbs Merrill, Indianapolis.
- Gorbach, Frida, (2000-2001), Los indios del Museo Nacional: La polémica teratológica de la Patria, *Ciencias*, Universidad Nacional Autónoma de México, octubre-marzo, no. 60-61, pp. 57- 63.
- Grant, S. et al, Variant of transcription factor 7-like 2 (TCF7L2) gene confers risk of type 2 diabetes, *Nature Genetics*, vol. 38, no. 3, pp. 320-323.
- Grieco, E.; Cassidy, R., (2001), Overview of Race and Hispanic Origin 2000", Census 2000 Brief, US Census Bureau.
- Guardado E., et ál., (2008), Diversidad genética en la población mexicana: utilización de marcadores de ADN, *Review Medical Hospital Genetics Mexico*, 71(3), pp. 162-174.
- Guardado E., et ál., (2009), "A great diversity of Amerindian mitochondrial DNA ancestry is present in the Mexican mestizo population", *Journal of Human Genetics* 54, pp. 695-705.
- Guerrero, McManus, E., (2009), El genoma mexicano, la dislexia genética y otros males posmodernos, *La Crónica*, 23 junio.
- Guerrero Motherlet, V., (2006), ¿Existe un genoma mestizo? Perspectiva del Doctor León Olivé, *Andamios*, revista de investigación social, junio, 2(4), pp. 263-267.
- Hacking, I, (2001), *¿La construcción social de qué?*, Paidós, Barcelona.
- Hacking, I. (2007), *Natural Kinds: Rosy Dawn, Scholastic Twilight*, Royal Institute of Philosophy Supplements, 61, pp. 203-240.
- Harlt, D. et al (1989), *Principles of Population Genetics*, Sinauer Associates, INC., Massachusetts.
- Haub, C., (2002), How Many People Have Ever Lived on Earth?, *Population Today*, Noviembre/Diciembre, pp. 3-4.
- Helgason, A. et ál., (2007), "Refining the impact of TCF7L2 gene variants on type 2 diabetes and adaptive evolution", *Nature Genetics*, vol. 39, no. 2, pp. 218-225.
- Hellenthal, G. et al, (2008), Inferring human colonization history using a copying model, *PLOS Genetics*, vol. 4, no. 5, pp. e1000078.
- Herrera, Beltrán, C., (2009), Presentaron ayer en Los Pinos mapa genómico de los mexicanos, *La Jornada*, 12 mayo.
- Hidalgo Miranda, A. et ál. (2006) Mapa Genómico de los Mexicanos, *Ciencia y Desarrollo*, 32, pp. 32- 53.
- Holsinger, KE.; Weir, BS. (2009), Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting  $F_{ST}$ , *Nature Review of Genetics*, pp. 639-650.
- Honneth, Axel, (2005), *Reificación*, Katz, Buenos Aires.
- Huijjer, M., (2003) *Reconsidering Democracy: history of the Human Genome Project*. *Science Communication* 2003; 24; 479

## Bibliografía

- INMEGEN (2005): "Creación del Instituto Nacional de Medicina Genómica". disponible en: [www.inmegen.org.mx](http://www.inmegen.org.mx)
- INMEGEN, (2009a), Ceremonia de presentación de la publicación Mapa del Genoma de los Mexicanos, Comunicado de Prensa, 11 mayo 2009.
- INMEGEN, (2009b), Estudio mexicano revela variaciones genéticas significativas entre la población de esa nación y otros subgrupos genéticos conocidos en el mundo, 11 mayo 2009.
- International HapMap Consortium, (2003), The International HapMap Project, *Nature*, vol. 426, pp. 789-96.
- International HapMap Consortium (2005), A Haplotype Map of the Human Genome, *Nature*; 437, pp. 1299-1320, 27 octubre.
- International HapMap Consortium, (2007), A second generation human haplotype map of over 3.1 million SNPs, *Nature*, vol. 449, pp. 851-861.
- IPUMS (2010), Integrated Public Use Microdata Series– International Version 5.0, Minnesota Population Center, University of Minnesota, 2009. Disponible en línea <https://international.ipums.org/international/> Con datos de las siguientes oficinas nacionales de estadística:  
Brasil: Institute of Geography and Statistics.  
Canadá: Statistics Canada.  
Colombia: National Administrative Department of Statistics.  
Costa Rica: National Institute of Statistics and Censuses.  
Ecuador: National Institute of Statistics and Censuses.  
Sudáfrica: Statistics South Africa.  
Reino Unido: Office of National Statistics.  
United States: Bureau of the Census.
- Jiménez-Sánchez, G., (2002) Opportunities for the pharmaceutical industry in the Institute of genomic medicine of Mexico, Cuadernos FUNSALUD. Vol. 38. First Edition. México.
- Jiménez, Sanchez G., (2002a), Hacia el Instituto Nacional de Medicina Genómica, Informe de Actividades, Consorcio Promotor del Instituto de Medicina Genómica.
- Jiménez, Sanchez G., (2002b), Áreas de oportunidad para la industria farmacéutica en el Instituto de Medicina Genómica de México, *Gaceta Médica de México*; 138, pp. 291-294.
- Jiménez, Sanchez G., et ál., (2002c), Opportunities for the Pharmaceutical Industry in the Institute of Genomic Medicine of Mexico, Cuadernos Funsalud, 38.
- Jiménez, Sanchez G., et ál., (2002d), En el umbral de la medicina genómica, *Este País*, septiembre, pp. 21-30.
- Jiménez, Sanchez G., et ál., (2002e), El Instituto Nacional de Medicina Genómica, *Este País*, diciembre, pp. 50-56.
- Jimenez-Sanchez,G.(2003) Developing a Platform for Genomic Medicine in Mexico. *Science*, 300 (5617): 295 DOI: 10.1126/science.1084059
- Jiménez, Sanchez G., (2003 / 2003a), La medicina genómica como instrumento

## Bibliografía

- estratégico en el desarrollo de México. México, D.F., Consorcio Promotor del Instituto de Medicina Genómica, Secretaría de Salud, UNAM, CONACYT, Sociedad Mexicana de Medicina Genómica.
- Jiménez, Sanchez G., (2004), Un paso más hacia el establecimiento del INMEGEN, Informe de Actividades 2003-2004, Fundación Mexicana para la Salud A.C.
- Jimenez-Sánchez, G. (2004) Ceremonia de Creación del Instituto Nacional de Medicina Genómica, 19 Julio del 2004, INMEGEN.
- Jiménez, Sanchez G., et ál., (2008), Genomic medicine in Mexico: Initial steps and the road ahead, *Genome Research*, 18. pp. 1191-1198.  
<http://genomamexicanos.inmegen.gob.mx/prensa/Press%20release%20spanish.pdf>.
- Jiménez, Sanchez G., (2010), Guillermo Soberón, medicina genómica; *Revista de la Universidad, UNAM*, diciembre, pp. 14-16.
- Jiménez, Sanchez G., (2009), Mapa del Genoma de los Mexicanos. Resumen Ejecutivo 2009, INMEGEN, México.
- Jiménez- Sánchez (2009), Reporte de Resultados de los primeros cinco años del INMEGEN (2004-2009). La plataforma inicial para la medicina genómica en México. El primer Volumen de los cuatro volúmenes que conforma en este reporte, está disponible en [www.inmegen.gob.mx](http://www.inmegen.gob.mx)
- Jones, N.; Symens, A., (2001), "The Two or More Races Population: 2000", *Census 2000 Brief*, US Census Bureau.
- Johnson Laird, P. N., (1986), *Mental Models: Towards a Cognitive Science of Language, Inference and Consciousness*, *Cognitive Science Series*, núm. 6, Harvard University Press, Cambridge.
- Jorde, L.et al (2001), Population genomics: a bridge from evolutionary history to genetic medicine, *Human molecular genetics*, vol. 10, pp. 2199-2207.
- Kalinowski ST., (2010), The computer program Structure does not reliably identify the main genetic clusters within species: simulations and implications for human population structure, *Heredity*, pp. 1-8. (publicado en línea)
- Kaplan, JM., (2011). Race: What Biology Can Tell Us about a Social Construct, *Encyclopedia of the Life Sciences*, John Wiley & Sons, Ltd, Chichester.
- Karl, A., (1957), Estudio electroforético de la hemoglobina de los indígenas mazatecos de la cuenca del Papaloapan, *Ciencia*, 17, pp. 85-86.
- Kaushik, R., (2006), *Biocapital. The Constitution of Postgenomic Life*, Duke University Press, Londres.
- Kay, L., (1988), *Laboratory Technology and Biological Knowledge: The Tiselius Electrophoresis Apparatus, 1930-1945, History and Philosophy of the Life Sciences*, 10:51-72.
- Kemp, Brian, et ál., (2010), Evaluating the Farming/Language Dispersal Hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica. *PNAS*, 107(15), pp. 6759-6764.
- Kitcher, P., (1999), *Race, Ethnicity, Biology, Culture, Mendel's Mirror, Philosophical Reflections on Biology*, Oxford University Press.

## Bibliografía

- Kittles, R. A.; Weiss, Kenneth M., (2003), Race, ancestry and genes: implications for defining disease risk, *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, vol. 4, pp. 33-67.
- Kristi D., Mitchell; Braxton D.; Shuldiner, Alan R., (2006), Polymorphisms in the transcription factor 7-like 2 (TCF7L2) gene are associated with type 2 diabetes in the Amish: replication and evidence for a role in both insulin secretion and insulin resistance, *Diabetes*, vol. 55, pp. 2654-2659.
- Kumar R, et ál., (2010), Genetic Ancestry in Lung-Function Predictions, *The New England Journal of Medicine*, 363, pp. 321-330.
- Landa y Piña, A., (1930), *El Servicio de Migración en México*, México, Talleres Gráficos de la Nación.
- Landa y Piña, A. (1935), *Política demográfica estatuida en el Plan Sexenal*, México , s.e.
- Lao, Oscar, et ál., (2008), Correlation between genetic and geographic structure in Europe, *Current Biology*, vol. 18, no. 16, pp. 1241-1248.
- Laplace, P. S., (1995), *Ensayo filosófico sobre las posibilidades*, Ediciones Altaya, Barcelona.
- Lawson, H. et al (2007), Going the distance: human population genetics in a clinal world, *Trends in Genetics*, 23, pp. 432-439.
- Levin, M., (2002), "The Race Concept: A Defense", *Behavior and Philosophy*, 30, pp. 21-42.
- Lewis, S. E. (2009), The tragedy of success: Mexico's National Indigenist Institute (INI) in Highland Chiapas, Ponencia presentada en el *Congreso de la American Historical Association*, San Diego, enero de 2009.
- Lewontin, R., (1961), Evolution and the Theory of Games, *Journal of Theoretical Biology*, vol. 1, pp. 382-403.
- Lewontin, R., (1972), The apportionment of Human Diversity, *Evolutionary Biology*, 6, pp. 381-98.
- Lindee, M. S., (2000), Genetic Disease Since 1945, *Nature Reviews Genetics*, 1, pp. 236-241.
- Lipschutz A., (1975), *El problema racial en la conquista de América*, México, D.F. Siglo XXI.
- Lisker, R., (1981), *Estructura genética de la población mexicana*, México, D.F. Salvat Mexicana Ediciones.
- Lisker, R.; Loría, A.; Córdova, S. (1965a), Studies on several hematological traits of the Mexican population, VIII. Hemoglobin S, Glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency and other characteristics in a malarial region, *American Journal Human Genetics*, 17, pp. 179-187.
- Lisker, R.; Loría, A.; Ibarra, S.; Sánchez-Medal, L., (1965b), Características genéticas hematológicas de la población mexicana, VII, *Estudio en la Costa Chica*, *Salud Pública México*, 7, pp. 45-50.
- Lisker, R.; Zárate, G.; Loría, A., (1966), Studies on several genetic hematological traits of Mexicans. IX: Abnormal hemoglobins and erythrocyte glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency in several Indian tribes, *Blood*, 27, pp. 824-830.

## Bibliografía

- Liu, T. E., (2009) in Landmark Study Reveals Significant Genetic Variation Between Mexico's Population And World's Other Known Genetic Subgroups *Science Daily*, 12 May 2009.
- López Beltrán, C., (2004), *El sesgo hereditario, Ámbitos históricos del concepto de herencia biológica*, México, UNAM.
- Lopez-Beltran, C, Vergara-Silva, F.,(2010) INMEGEN and the construction of the National Mestizo Genome, Manuscript, este volumen.
- López de Silanes, A. (2003), *Informe del presidente del consejo directivo*, Fundación Mexicana para la Salud A.C.
- López Sánchez, O., (2000-2001), La mirada médica y la mujer indígena en el siglo XIX, *Ciencia*, 60-61, Octubre-marzo, Facultad de Ciencias, UNAM.
- Luckács, G., (1969), *Historia y consciencia de clase*, Grijalbo, México DF.
- Lyssenko, V., et ál., (2008), Clinical risk factors, DNA variants, and the development of type 2 diabetes *New England Journal of Medicine*, vol. 359, pp. 2220-2232.
- Lyssenko, V., et ál., (2007), Mechanisms by which common variants in the TCF7L2 gene increase risk of type 2 diabetes, *Journal of Clinical Investigation*, vol. 117, pp. 2155-2163.
- M'charek, A., (2005), *The Human Genome Diversity Project. An Ethnography of Scientific Practice*, Cambridge University Press.
- Maca Meyer, N., et ál., (2001), Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions, *BMC Genetic.*, 2 (13), Epub, Agosto 13.
- Marks, Jonathan , (1996), "The Legacy of seological studies in American Physical Anthropology", *History and Philosophy of the Life Sciences*.18: 345-362.
- Manolio, Teri A., et ál., (2009), Finding the missing heritability of complex diseases, *Nature*, vol. 461, pp. 747-753.
- Marzal, M., (1993), *Historia de la Antropología Indigenista: México y Perú*. Barcelona: *Anthropos*.
- Margules, C. R.; Sarkar, S, (2009), *Planeación sistemática de la conservación*, UNAM y CONANP, México DF.
- Martínez Muñoz, S. F., (1991), El azar en la mecánica cuántica: de Bohr a Bell. *Crítica. Revista Hispanoamericana de Filosofía*, vol. xxIII no. 69, pp. 137-154
- Maynard Smith, J.; Price, George, (1973), "The Logic of Animal Conflict", *Nature*, vol. 146, pp. 15-18.
- Maynard Smith, J. (1982), *Evolution and the Theory of Games*, Cambridge University Press.
- Mazumdar, P., (1992), *Eugenics, Human Genetics and Human Failings*, *The Eugenic Society and its critics in Britain*, Routledge Press, London.
- Mazumdar, P. (1995), *Species and Specificity. An interpretation of the history of Immunology*. Cambridge University Press.
- Mazumdar, P. (1996), Two models for Human Genetics: Blood Grouping and Psychiatry in Germany between the two World Wars, *Bulletin of the History of Medicine*, 70(4):609-657.



## Bibliografía

- Meigs, J. B., et al (2008), Genotype score in addition to common risk factors for prediction of type 2 diabetes, *New England Journal of Medicine*, vol. 359, no. 21, pp. 2208-2219.
- Mendoza, L. (2007) Bio-organización y genonautas en México, UAM - Iztapalapa, México. Tesis de Doctorado.
- Miguel A (2009) "Estado Fallido", La Jornada, México, 20 enero.
- Miller, M. G., (2004), *Rise and fall of the cosmic race. The cult of mestizaje in Latin America*, Austin, University of Texas Press.
- Molina Enríquez, A. (2004), *Los grandes problemas nacionales*, Era, México DF.
- Moreno, Figueroa, M., (2007), En México no hablamos de racismo: Mujeres, mestizaje y prácticas contemporáneas del racismo, *El Colegio de México*, 18 diciembre.
- Monroy, José G., (1932), "El problema de la herencia en la tuberculosis": *Eugenesia*, No. 14, noviembre 15.
- Montoya, M. (2007), Bioethnic conscription: genes, race, and Mexicana/o ethnicity in diabetes research. *Cultural Anthropology*, 22(1), pp. 91-128.
- Mörner, M., (1961), *El mestizaje en la historia de Iberoamérica*, México, Fondo de Cultura Económica.
- Moss, L., (2003), *What Genes Can't Do*, MIT Press, Cambridge.
- Navarrete, F. (2008), *Los pueblos indígenas de México*, www.cdi.gob.mx
- Nei, M., (1973), Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natural Academy Science, USA*, 70, pp. 3321-3323.
- Neel, J. V., (1962), Diabetes mellitus: a "thrifty" genotype rendered detrimental by "progress"? *American Journal of Human Genetics*, vol. 14, pp. 353-362.
- Norton, J. D., (2003), "A material theory of induction", *Philosophy of Science*, vol. 70, pp. 647-670.
- Novembre, J., et ál., (2008), Genes mirror geography in Europe, *Nature*, vol. 456, pp. 98-101.
- OECD, (1996) *The Knowledge-based economy*, Paris.
- Ogundiran, Temidayo O., (2008), África must come on board the genomic bandwagon, *Genomics, Society and Policy*, 1(3) pp. 66-77.
- Oliva, P & Schwartz E., (2010) La medicina genómica en las políticas de salud pública: una perspectiva entre la investigación y su aplicación futura. Presentación en el Congreso de la Sociedad Mexicana de Salud pública, Oaxaca 2009.
- Olivé, L., (2006), presentación del libro González, J. *Genoma humano y dignidad humana*.
- Ornstein, L. (1964), Disc electrophoresis I: Background and Theory, *Annals of the New York Academy of Sciences*, 121, pp. 321-351.
- Ossorio, P., (2007) The Human Genome as humanity common heritage: Common Sense or legal non sense? *Genetics and groups rights*, Fall. Owens, K.; King, M., (1999), "Genomic Views of Human History", *Science*, 286, pp. 451-453.
- Palmié, S., (2007), *Genomics, Divination, "Racecraft"*, *American Ethnologist*. 34, pp. 203-220.

## Bibliografía

- Palsson, G.; Rabinow, P., (1999), Iceland: The Case of a National Human Genome Project, *Anthropology Today*; 15 (5) pp. 14-18.
- Palsson, G. (2001). The Icelandic genome debate in *Trends, Biotechnology*, 19 (5), pp. 166-171 .
- Palsson, G. (2007), *Anthropology and the New Genetics*. Cambridge University Press.
- Pantoja, S., (2006), Instituto Nacional de Medicina Genómica, entrevista con Gerardo Jiménez-Sánchez, *Líderes Mexicanos*, 101, Abril 3.
- Paradies, Yin C.; Montoya, Michael J. Fullerton Stephanie M., (2007), Racialized genetics and the study of complex diseases, *Perspectives in Biology and Medicine*, vol. 50, no. 2, pp. 203-227.
- Paschou P, Ziv E, et ál., (2007), PCA-Correlated SNPs for structure identification in worldwide human populations, *PLoS Genetics* 3(9), pp. 1672-1686.
- Pearson, H., (2006), Genetics: What is a gene? *Nature*, vol. 441, pp. 398-401.
- Pena S.D.J. et ál., (2000), Retrato molecular do Brasil, *Ciencia Hoje*; 27, pp. 16-25.
- Powell, J. R. (1994), Molecular techniques in population genetics: a brief history., Schierwater, et al (eds.) *Molecular Ecology and Evolution. Approaches and Applications*. Verlag Birkhauser, Basel, pp.131-156.
- Price, Alkes, et ál., (2007), "A genomewide admixture map for Latino populations", *The American Journal of Human Genetics*, vol. 80, pp. 1024-1036.
- Prieto Valiente, L.; Herranza Tejedor, I., (2005), *¿Qué significa estadísticamente significativo?*, Ediciones Díaz de Santos, Madrid.
- Pritchard, JK et ál., (2000), Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics*; 155. pp. 945-959.
- Programa Nacional de Salud 2007-2012, (2007) Secretaría de Salud, México D.F
- Prokhorovnik, R., (1999) The state of liberal sovereignty, *British Journal of Politics and International Relations*.
- Putnam, H., (1975), *Mind, Language and Reality*, Harvard University Press.
- Quinto Cortés, C., et ál., (2010), "Genetic characterization of indigenous peoples from Oaxaca, Mexico, and its relation to linguistic and geographic isolation". *Human Biology*, 82(4), pp. 409-432.
- Radder, H., ed., (2003), *The Philosophy of Scientific Experimentation*, University of Pittsburgh Press.
- Rangel Villalobos, H., et ál., (2008), "Genetic admixture, relatedness, and structure patterns among Mexican populations revealed by the Y-chromosome". *American Journal of Physical Anthropology*, 135, pp. 448-461.
- Ramillon, V. (2007), *Les deux génomiques. Mobiliser, Organiser, Produire: du séquençage a la mesure de l'expression des genes*, Doctoral Thesis, Ecole des Hautes Etudes en Sciences Sociales.
- Rankin, M., (2009), Each One, Teach One: Education and Literacy in Mexico during World War II, ponencia presentada en el Congreso de la American Historical Association, San Diego, enero 2009.
- Reardon, J. (2004), *Race to the Finish: Identity and Governance in an Age of Genomics*. Princeton University Press.

## Bibliografía

- Rheinberger, H. J., (1997), *Toward a history of epistemic things: synthesizing proteins in the test tube*, Stanford University Press.
- Rheinberger, H. J., 2000, Gene concepts: fragments from the perspective of molecular biology, Beurton, P. J., Falk, Ralph, Rheinberger, H. J., *The Concept of the Gene in Development and Evolution: Historical and Epistemological Perspectives*, Cambridge University Press, Cambridge.
- Ribeiro, S. (2005). El mapa genómico de los mexicanos, *La Jornada*, 31 July.
- Ribeiro, S., (2007), México: Genómica, biopiratería y pueblos indígenas, *La Jornada*, 31 de marzo.
- Rioja, Peregrina L.H., (2009), *La era de la genómica humana en América Latina y el Caribe ¿Cooperación versus competencia? México, Brasil y Cuba*, México, D.F, Plaza y Valdés Editores.
- Riva, Palacios, V., (1888), *La conquista de México*, Alicante: Biblioteca virtual Miguel de Cervantes.
- “—”, (1868), *Martín Garatuza: memorias de la Inquisición*, Biblioteca virtual Miguel de Cervantes.
- Robichaux D. (2007), Identidades indefinidas: entre “indio” y “mestizo” en México y América Latina, *Amérique Latine Histoire et Mémoire. Les Cahiers ALHIM*, 13 [Online since 21 août 2008. <http://alhim.revues.org/index1753.html>].
- Rolleri, J. L., (2009), *Probabilidad, causalidad y explicación*, Universidad Autónoma de Querétaro.
- Rose, N., (2007), *The politics of life itself. Biomedicine, power, and subjectivity in the twenty-first century*, Nueva Jersey, Princeton University Press.
- Rosenberg NA, et ál., (2002), Genetic structure of human populations, *Science* 298:, pp. 2381-2385.
- Rosenberg NA, et ál., (2003), Informativeness of genetic markers for inference of ancestry, *American Journal of Human Genetics*, 73, pp. 1402-1422.
- Rubi Castellanos, R., et ál., (2009), Pre-historic Mesoamerican demography approximates the present-day ancestry of mestizos throughout the territory of Mexico, *American Journal of Physical Anthropology*, 139, pp. 284-294.
- Saade Granados, M. (2009), *El mestizo no es de color. Ciencia y política pública mestizófilas (México, 1920-1940)*, Tesis doctoral. México, ENAH \_ INAH.
- Saade Granados, M. (2002), *El cultivo racional del pueblo. La Sociedad Mexicana de Eugenesia, 1931-1935*. Tesis de Maestría en Historia y Etnohistoria, México, ENAH – INAH.
- Saavedra, A., (1934), “Problemas eugénicos”, México, s/e.
- Salazar, Horacio, (2009), “El genoma del mexicano”, *Notas de la ciencia*. <http://www.milenio.com/node/214857>
- Salazar Mallén, M.; Hernández de la Portilla, R. (1944), Existencia del aglutinógeno Rh en los hemáticos de 250 individuos Mexicanos, *Revista de la Sociedad Mexicana de Historia Natural*, 5, pp. 183-185.
- Salzano, F. M., (2004), Interethnic variability and admixture in Latin America – social implications, *Revista de Biología Tropical*, 52 (3) pp. 405-415.

## Bibliografía

- Sánchez Guillermo, E., (2007), Nacionalismo y racismo en el México decimonónico. Nuevos enfoques, nuevos resultados, *Nuevo Mundo Mundos Nuevos, Debates*.
- Sandoval, K., et ál., (2009), Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans, *Human Genetics*, 126, pp. 521-531.
- Sans, M., (2000), Admixture Studies in Latin America: from the 20th to the 21st century, *Human Biology*; 72, Febrero 2000, pp. 155-177.
- Santos, C., et ál., (2008), Mutation patterns of mtDNA: Empirical inferences for the coding region. *BMC Evolution Biology*, 8, pp. 167.
- Sarich, V. M.; Wilson A. C. (1967), Immunological time-scale for hominoid evolution. *Science*, 158, pp. 1200-1203.
- Saro-Boardman E (2008) Intervención del senador Ernesto Saro Boardman, quien fundamentó un dictamen de Comisiones Unidas de Salud; y de Estudios Legislativos, con proyecto de decreto por el que se reforman los artículos 100 y 461; y se adicionan los artículos 317 bis, y 317 bis 1 de la Ley General de Salud. Segundo periodo ordinario del segundo año de la LX Legislatura | Sesión del Jueves, 27 de marzo de 2008.
- Saxena, R., et ál., (2006), Common single nucleotide polymorphisms in TCF7L2 are reproducibly associated with type 2 diabetes and reduce the insulin response to glucose in nondiabetic individuals, *Diabetes*, vol. 55, pp. 2890-2895.
- Schwartz, E. (2008), *Genomic Sovereignty and the creation of Inmegen: Governance, populations, and territoriality*, Dissertation. U. of Exeter, Septiembre, 2008.
- Schwartz, E & Silva-Zolezzi, I (2010) “The Map of the Mexican’s Genome”: overlapping national identity, and population genomics, *Identity in the Information Society (IDIS) Journal*, Special Issue in Genomic and Identity, October, Online first: DOI 10.1007/s12394-010-0074-7
- Scott, A. D., (1997), México Indígena: indigenism and the paradox of the nation, 1915-1940, Tesis doctoral, University of New York.
- Séguin, B, et al (2008) Foreward: Human genomic variation initiatives in emerging economies and developing countries, *Nature Reviews Genetics*, Octubre, S3-S4.
- Séguin, B., et ál., (2008), Human Genomic variation Studies and Pharmacogenomics are critical for Global Health, *Landes Bioscience*.
- Séguin, B., et ál., (2008a), Genomic medicine and developing countries: creating a room of their own, *Nature Reviews*, 9 Junio, pp. 487-494.
- Séguin, B., et ál., (2008b), Genomics, public health and developing countries: the case of the Mexican National Institute of Genomic Medicine (INMEGEN), *Nature Reviews*, Octubre, pp. 5-9.
- Seguin, B. (2009) in the Mexican Senate. 9 March 2009. Available in: [http://www.senado.gob.mx/comisiones/LX/cyt/content/presentaciones/docs/Beatrice\\_Seguin.pdf](http://www.senado.gob.mx/comisiones/LX/cyt/content/presentaciones/docs/Beatrice_Seguin.pdf)
- Serre, D. y Pääbo, S., (2004), Evidence for gradients of human genetic diversity within and among continents, *Genome Research*, vol. 14, pp. 1679-1685.
- Silva Zolezzi, I. et ál., (2009), Analysis of genomic diversity in Mexican mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico, *PNAS*, 106, pp. 8611-8616.

## Bibliografía

- Versión en español: "Análisis de la diversidad genómica en la poblaciones mestizas mexicanas para desarrollar medicina genómica en México". [www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0903045106](http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0903045106)
- Simon, Herbert, (1993), Altruism and economics, *American economic review*, vol. 83, no. 2, pp. 156-161.
- Smithies, O., (1955), Zone electrophoresis in starch gels: Group variations in the serum proteins of normal human adults, *Biochemical Journal*, 61, pp. 629-641.
- Sokal R. y Rohlf, F.J., (1995), *Biometry*, WH Freeman and Company.
- Sommer, M., (2008), History in the Gene: negotiations between Molecular and Organismal Anthropology, *Journal of the History of Biology*, 41(3).
- Stern A., (2000), Mestizofilia, biotipología y eugenesia; hacia una historia de la ciencia y el Estado, *Relaciones*, 21.
- Suárez y López Guazo, L. (2005), *Eugenesia y racismo en México*, UNAM.
- Suárez, E; Barahona, A., (1996), The Experimental Roots of the Neutral Theory of Molecular Evolution, *History and Philosophy of the Life Sciences*, 17, pp. 3-30.
- Suárez, E, (2007), The Rhetoric of Informational Molecules, Authority and Promises in the Early Days of Molecular Evolution, *Science in Context*, 20(4), pp. 649-677.
- Sundstrom, R., (2002), Race as human Kind, *Philosophy & Social Criticism*, 28(1), pp. 91-115.
- Statistics Canada; U.S. Census Bureau (1994), Challenges of Measuring an Ethnic World: Science, Politics, and Reality, U.S. Government Printing Office.
- Stotz, K.; Griffiths, P. E., (2004), How scientists conceptualize genes: An empirical study, *Studies in History & Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, vol. 35, no. 4, pp. 647-673.
- Templeton A. (1998), Human Races: A Genetic and Evolutionary Perspective, *American Anthropologist*, 100, pp. 632-650.
- Tenorio Trillo, M., (2009), *Historia y Celebración*. México, Tusquets.
- Teper, M. L y Lele, S., (2004), *The nature of scientific evidence*, The University of Chicago Press.
- Tischkoff, S. A. Kidd, K. K., (2004), Implications of biogeography of human populations for "race" and medicine, *Nature Genetics*, vol. 36, no. 11, pp. 21-27.
- Torroni, A., et ál., (1994), "Mitochondrial DNA 'clock' for the Amerinds and its implications for timing their entry into North America", *Proc Natural Academic Science, USA*, 19(13), pp. 1158-62.
- UNESCO (1950), The Race Question, THE UNESCO AND ITS PROGRAMME, Unesco. Publication 791.
- UNESCO, (1997) Universal Declaration on the Human Genome and Human Rights.
- Urías Horcacitas, B. (2000), *Indígena y Criminal: Interpretaciones del derecho y la antropología en México*, Universidad Iberoamericana.

## Bibliografía

- Urías Horcacitas, B. (2000-2001), Medir y civilizar, *Ciencia*, no. 60-61, octubre-marzo. Facultad de Ciencias, UNAM.
- Urías Horcacitas, B. (2005), Fisiología y moral en los estudios sobre las razas mexicanas: continuidades y rupturas (siglos XIX y XX), *Revista de Indias*, no. 234, pp. 355-374.
- Urzaiz, E. *Eugenia. Esbozo novelesco de costumbres futuras*, Mérida.
- US Census Bureau (2010), Race: Definition, American Fact Finder, disponible en línea:  
[http://quickfacts.census.gov/qfd/meta/long\\_RHI325208.htm](http://quickfacts.census.gov/qfd/meta/long_RHI325208.htm)
- Valenzuela, Francisco, *La inmigración y colonización en México. Estudio de adaptación*. México, ed. Victoria.
- Valiñas, L., 2010, Historia Lingüística: Migraciones y Asentamientos. Relaciones entre Pueblos y Lenguas, en Barriga Villanueva R. y Martín Butragueño P., *Historia de la Lingüística y Sociolingüística*. Lenguas Mexicanas, El Colegio de México.
- Van Hoek, et ál., (2008), Predicting type 2 diabetes based on polymorphisms from genome-wide association studies: a population-based study, *Diabetes*, vol. 57, no. 11, pp. 3122-3128.
- Vasconcelos, J. (1948). *La raza cósmica*. México, D.F. Espasa Calpe, S.A.
- Viale, R. Andler, D. Hirschfeld L. A., (2006), *Biological and cultural bases of human inference*, Routledge, Londres.
- Villalobos Comparán, M., et ál., (2008), The FTO gene is associated with adulthood obesity in the Mexican population, *Obesity*, 16(10), pp. 2296-2301.
- Villoro, Luis, (1950), *Los Grandes momentos del Indigenismo*, El Colegio de México.
- Walsh, Casey, (2004), Eugenic Acculturation: Manuel Gamio, Migration Studies, and the Anthropology of Development in Mexico, 1910-1940, *Latin American Perspectives*, vol. 31, no. 5, pp. 118-145.
- Wade, Peter, (2005), "Rethinking Mestizaje: Ideology and Lived Experience". *Journal of Latin American Studies*, 37, pp. 239-257.
- Waters, C. K., (1994), Genes made molecular, *Philosophy of Science*, vol. 61, pp. 163-185.
- Weiss KM; Fullerton SM., (2005), Racing Around, Getting Nowhere, *Evolutionary Anthropology* 14, pp. 165-169.
- WHO (2002) Genomics and World Health: Report of the Advisory Committee on Health Research. Geneva
- Wiener, A. S.; Zepeda, J. P. Sonn, E. B. Polivka, H. R., (1945), Individual blood differences in Mexican indians with special reference to HR blood types and HR factors, *Journal of Experimental Medicine*, 81, pp. 559-567.
- Wijeyesinghe, C. L., (2001), Racial Identity in Multiracial People. An Alternative Paradigm" in Wijeyesinghe, C. L., Jackson, B. W. (eds.) *New Perspectives on Racial Identity Development. A Theoretical and Practical anthology*, pp. 129-151.
- Winther RG. (2006a), Fisherian and Wrightian Perspectives in Evolutionary Genetics and Model-Mediated Imposition of Theoretical Assumptions, *Journal of Theoretical Biology*, 240, pp. 218-232.

## Bibliografía

- Winther RG., (2006b), On the Dangers of Making Scientific Models Ontologically Independent: Taking Richard Levins' Warnings Seriously. *Biology and Philosophy* 21, pp. 703-724.
- Winther RG, (2011), Part-Whole Science, *Synthese*, 178, pp. 397-427.
- Wintrobe, M., (1980), *Blood Pure and Simple. A Story of Discovery, of People and of Ideas*. Mc Graw-Hill Company, New York.
- Wolf, S. ed., (2006), The Responsible Use of Racial and Ethnic Categories in Biomedical Research: Where Do We Go From Here?, 34 *Journal of Law, Medicine & Ethics*, 34, pp. 483-558.
- Wright S. (1965), The interpretation of population structure by F-statistics with special regards to systems of mating, *Evolution*, 19, pp. 395-420.
- Wright, S., (1969), *Evolution and the Genetics of Populations*, Vol. 2, *The Theory of Gene Frequencies*, University of Chicago Press.
- Yang N., Li H., Criswell L. A., Gregersen, P. K., Alarcon-Riquelme, M. E., Kittles, M., Shigeta R., Silva, G. , Patel P. I., Belmont, J. W., y Seldin, M. F., (2005), "Examination of ancestry and ethnic affiliation using highly informative diallelic DNA markers: application to diverse and admixed populations and implications for clinical epidemiology and forensic medicine", *Human Genetics*, vol. 118, pp. 382-392.
- Zuckermandl, E., Richard. T. Jones and L. Pauling, 1960. "A comparison of animal hemoglobins by triptic Peptide Pattern Analysis", *PNAS*, 46, pp. 1349-1360.
- "—", (1964), "Perspectives in Molecular Anthropology", In Washburn, S.L. (Ed.), *Classification and Human Evolution*. (pp. 243-272). London: Methuen and Co.Limited
- Zúñiga, J.P., (1999), *La voix du sang. Du métis à l'idée de métissage en Amérique espagnole*, *Anales HSS*, No. 2. New York. New York University Press.

«GENES (&) MESTIZOS. GENÓMICA Y RAZA EN LA BIOMEDICINA MEXICANA»  
SE TERMINÓ DE IMPRIMIR EL 30 DE OCTUBRR DE 2011 EN LOS TALLERES DE  
CORPORACIÓN INDUSTRIAL GRÁFICA S.A. DE C.V. FERNANDO SOLER NO.50,  
FRACC. MARÍA CANDELARIA, HUITZILAC, MORELOS, C.P. 62510 MÉXICO  
SE TIRARON 1000 EJEMPLARES