



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

CAMPUS MORELOS

**De Rubén Lisker al Genoma
Mexicano: Un análisis discursivo de
la genética de poblaciones en México
y sus implicaciones**

TESIS

Que para obtener el título de

Licenciada en Ciencias Genómicas

P R E S E N T A

Jocelyn Cheé Santiago

DIRECTOR DE TESIS

José Antonio Alonso Pavón



Cuernavaca, Mor., 2022



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

Resumen

La construcción de México como una nación tiene como noción fundacional al mestizaje. Dicho discurso centra al mestizo como equivalente del mexicano y se ve reflejada en los estudios de genética y genómica poblacional en México. En una primera etapa la genética poblacional mexicana se relacionó con la terminología heredada de la 'raza', buscando analizar distribuciones de grupos sanguíneos en la población mexicana. Con la institucionalización de la disciplina y el trabajo de Rubén Lisker, la investigación en genética poblacional se centró en la descripción de la estructura genética de la población mexicana, utilizando a los mestizos e "*indians*" como etiquetas poblacionales y centrandose en estos últimos nociones de pureza. Posteriormente, la evolución de la disciplina hacia la genómica poblacional, mantuvo vigente las nociones de pureza de los pueblos indígenas al tiempo que buscaba construir un 'genoma mexicano' caracterizado por su unicidad. Esta construcción mantenía tendencias esencialistas. Tales tendencias se manifiestan también en la adopción de etiquetas como '*Native Mexican*' y el uso de modelos de análisis que asumen categorías discretas, como la lingüística y la geográfico-continental. En este sentido, la noción de pureza emerge al no tomar en cuenta las migraciones y como consecuencia promueve el uso de categorías arbitrarias y contingentes a nivel biológico. Esto acentúa la invisibilización de grupos históricamente subalternos. La investigación en genética y genómica poblacional en México debe trascender estructuras jerárquicas representadas por la dicotomía indígena/mestizo y crear nuevas formas de construcción de conocimientos.

Agradecimientos.

Ni guica' Tin Cheé

Este trabajo de investigación fue realizado durante cuatro años, pasando por períodos complicados de salud física y mental.

La realización de este trabajo no sería posible sin el apoyo de mi madre Hércita Santiago Regalado, quien en todo este tiempo me ha enseñado de la paciencia, la escucha y la ternura. Además, me regaló mi primer tambor de guerra: su sonrisa. A mi abuela Soledad Regalado, quien con sus manos y trabajo fecundo frente al horno de leña y su legendaria tienda me dio un futuro. Gracias por tu fortaleza, amá. Agradezco a mi tío abuelo Leti Zárate Regalado, quien ha acompañado mis decisiones, mi camino científico y jamás ha dejado de creer en mí. Sostenerme no ha sido tarea fácil, y agradezco todos los días poder decir que también eres mi papá. A mi hermana Kouanin Cheé Santiago y su-nuestro hijo Jesús Oleg L. Cheé, ambos pedazos de tierra fértil que siembran conmigo y me enseñan a caminar de nuevo. Todos ustedes son la primera casa que guardo en la memoria.

Con amor, dedico este reporte de investigación a mi amor primero, mi amado padre Agustín Cheé Vázquez, quien se hizo universo hace 6 años y me enseñó a amar la ciencia, los libros, la lucha y la revolución así con minúsculas. Me habría encantado tomar tu mano en todo este proceso y escuchar tu voz llena de orgullo. Al fin nos graduamos, pa. Juntos como en todo lo que hicimos durante

el tiempo que compartimos geografías, calendarios y plano espiritual. Espero que este trabajo represente un poco de todo lo que me diste en la vida como enseñanza: nunca olvidarme de nosotros, los otros. Nadxiee'lii.

Con amor y nostalgia agradezco también a todos aquellos que amé y amo. A quienes me vieron emprender este camino y llegaron al Yoo'ba antes de este momento de término. A Edgardo Santiago, mi compañero en esta y todas las vidas. A Severina López, Reynalda Vázquez Luis y Amelia Regalado, mis amadas abuelas, las que me regaló la crianza extendida y forjaron mi camino de mujer zá. A mi abuelo Luciano Regalado 'Queco', quien me regaló flores y me enseñó a hacer la revolución y a creer en ella a la sombra de un lambimbo prodigioso en el parque central de mi pueblo. No me heredaste las letras, abuelo, pero sí la lucha. A mi amado tío Pablo, quien se fue en octubre del 2021 y con quien tengo un abrazo pendiente. Xquixe pe'laatú.

También, agradezco y honro con este trabajo a todos aquellos que se fueron antes y siempre creyeron en mí: A mis abuelos por sangre y herencia genética: Por parte de mi padre: Mi abuelo Jesús Cheé Ramírez, el hijo de migrante, migrante él mismo, que sembró nuestro corazón en tierra zapoteca y a mi abuela Paula Vázquez Luis, mujer binnizá de habla suave de cuyas manos morenas aprendí a desgranar maíz y cortar flores. Por parte de mi madre: a Teodosio Santiago Morales porque su memoria sostuvo mi crianza. Gracias a ustedes estoy aquí. A mi tío papá Floriberto Cheé Vázquez quien me bordó de arriba a abajo, a María Eusebia Zárate Regalado, quien esperaba con ansias el

momento de decirme licenciada. A Juan Marín, Ausencio Morales, Porfirio Regalado, Rosalino Matus y José Gómez, mis abuelos del corazón, quienes me enseñaron a resistir, y me contaron historias del campo, del comercio y del ser. Soy fruto de la comunidad que me acogió.

A Amando, Felipe e Isidra Santiago Regalado, hermanos de mi madre y sus familias, quienes me acogieron en la ciudad de México y han acompañado todo este proceso, en especial a mi tía Isi por haber cuidado de mí en los tiempos duros y estar en todo momento, por sostenerme cuando mi papá murió, y a mi tío Armando por impulsar mi vocación científica, reforzando todos mis sueños y siendo cómplice de cualquier operación que requiriera mi rescate como aquella en la calle Dakota. A Natalia, Hugo y María Magdalena Cheé Vázquez, los tres sobrevivientes de mi casa morena, quienes han estado conmigo, a su manera para cuidarme desde que mi papá se sembró en tierra nube. Lena, gracias por enviarme tu cariño en todas las formas posibles. Hugo, gracias por considerarme tu hermana y revisar mis textos, enviarme referencias, compartir conmigo bibliografía y amor a kilómetros.

A mis primos-hermanos, en especial a mis primas-hermanas-cómplices: Amira Santiago y Alondra Cheé por cuidarme, protegerme, reír conmigo, desvelarse y apapacharme. A Fidel Ruiz por el apoyo en mi rehabilitación física y mental, gracias por regalarme el campo de nuevo, por estos 26 años de caminar juntos.

Este trabajo de investigación es fruto también del cuidado de otras personas que son mi familia por elección. A mis amigas de la Licenciatura en Ciencias Genómicas: Valeria Estrada, Carmina Barberena, Elisa Márquez, y en especial a Amaranta Manrique de Lara y Citlali Gil Aguillon, quienes han estado desde el día uno en mi proceso de salud, con quienes he debatido infinidad de veces este tema y me han enseñado a creer en él y defenderlo. Ellas y sus familias: Nashieli Ramírez, Gaby Gil y Gaby Aguillón han sido mi casa en una ciudad desconocida e inhabitable para mí. ¡GRACIAS!

A mis amigas de todos los caminos recorridos en este período tan largo: mis hermanas binnizá Paula Yá, Marahí y Mayra López Pineda. A Biani Sánchez, Liz Cerezo, Ana Robles y su familia.

Este trabajo no habría sido posible sin el impulso, apoyo, escucha, paciencia y guía de mi tutor MB. José Antonio Alonso Pavón. Gracias Pepe por enseñarme a cuestionar las estructuras académicas y científicas, por revisar y ser paciente con mis procesos y dotarme de literatura crítica. Gracias también por acompañarme como colega y convertirme en uno de mis grandes amigos y afectos. *Rizacaladxe'lii gubeedxe*. También agradezco a Ale Guzmán por acompañar este proceso, infernal a veces y todavía aventarse una maestría conmigo porque juntas hacemos una persona funcional.

A Ernesto Schwartz-Marín por compartirme material de revisión muy valioso. Aprendí mucho de mi estancia en Exeter y de ti como investigador y

humano. A la Dra. Ana Barahona y a su laboratorio por la oportunidad académica brindada.

Al personal de biblioteca del Centro de Ciencias Genómicas por el apoyo brindado para conseguir la literatura necesaria para sustentar este trabajo. A Iliana Bahena y a los ATIs de la Licenciatura en Ciencias Genómicas por salvarme desde el día uno en trámites, accesos remotos, y en general, por sostener los pasos de cada estudiante de Ciencias Genómicas. Sin ustedes nada sería posible. A mis sinodales Dr. David Romero y Dr. Miguel Ángel Cevallos, por sus revisiones, por aceptar evaluarme y por ser mis maestros y grandes referentes en la práctica científica. Su sentido humano me hace admirarlos cada día.

Agradezco también el camino y los medios que lo hicieron posible: A la beca Métodos de Investigación UNAM-SEP y al Sistema de Becas para Estudiantes Indígenas de la UNAM, a este último, más allá de los recursos económicos, por haber sido el lugar donde coincidí con las brillantes voces de mujeres y hombres indígenas de distintos pueblos y geografías que impulsan la reflexión de todo lo que hago, entre ellas Frida Hyadi, Claudia Libertad, Aída Naxhielly, Adriana Kupyij y Krystell quienes desde su trinchera construyen un nuevo futuro.

Espero que este reporte de investigación contribuya a todo eso que soñamos y por lo que peleamos: Nada sobre nosotrOs sin nosotrOs.

Cierro pensando en todos aquellos que no mencioné pero saben lo que han sembrado en mí y emito una poderosa declaración de guerra, esperando ser una

pequeña semilla en esto que busca cuestionar las estructuras de poder que rodean la práctica científica: ¡Ma guirutí zuxhatañee laanú!¹

¹ traducción al español: Nadie volverá a pasar sobre nosotros.

Índice

Resumen	2
Agradecimientos.	3
Índice	8
Introducción	9
Metodología	15
Capítulo 1. Identidad Nacional y Mestizofilia en México	18
Capítulo 2. La mexicanidad en la genética poblacional	25
Inicios de la Genética poblacional en México.	28
Capítulo 3. Rubén Lisker y la consolidación de los estudios de la genética poblacional en México durante la segunda mitad del siglo XX	31
Fuentes antropológicas de interés utilizados para definir los criterios de inclusión y exclusión para los estudios de genética poblacional.	33
El término ‘indians’ o ‘mexican indians’	36
El término ‘mestizo’ como sinónimo del mexicano en el discurso científico	39
Capítulo 4. INMEGEN y ‘The mexican genome’	44
La toma de muestras.	48
Capítulo 5. La esencialización de las poblaciones.	51
Capítulo 6. La invisibilización	69
Conclusión	75
Bibliografía	82

Introducción

Este reporte de investigación es un documento que problematiza la construcción de discursos identitarios en la genética y genómica poblacional en México, desde una perspectiva histórica-crítica.

La mestizofilia, entendida como una doctrina unificadora que ensalzaba la hibridación viril y vigorosa del europeo con el indio (Stern, 2000), tenía como eje central el mestizaje configurado como casta durante la época colonial, el cual era visto como una fusión de razas, convergencia y conjunción de manifestaciones culturales que daba paso al proceso de unificación del carácter nacional (Castillo Ramírez, 2014). El mestizo representaba al gran unificador de las contradicciones étnicas, ideológicas y de clase de la sociedad (Álvarez Peralta, 2007) e intentaba borrar del mapa el “problema indígena”, donde la diversidad cultural era vista como un obstáculo para la construcción de una nación homogénea. No obstante, la política del mestizaje, también ensalzaba de cierta manera el antecedente indígena, remarcando el pasado indígena como raíz del mestizo, dignificando, sobre todo, la resistencia como su rasgo fundamental, el cual heredaba y fusionaba con las características de acción de los ‘blancos’, quienes daban al mestizo la fuerza para prevalecer e imponer la nacionalidad mexicana (Basave, 1992).

En México, los estudios de genética poblacional han sido caracterizados por analizar la relación entre la distribución geográfica de grupos humanos y algunas enfermedades, en concordancia con la tendencia de otros estudios

similares (Lewis et al., 2022). Esta característica de la genética poblacional mexicana se debe a la pretensión de dar paso a una plataforma biomédica nacional, que en primer término busca derivar en la medicina personalizada que eventualmente pueda garantizar tratamientos específicos según las variantes poblacionales identificadas en las poblaciones nacionales y así poder ofrecer una medicina que responda a la realidad epidemiológica de la nación (Jiménez-Sánchez, 2002)

Los estudios de genética poblacional comienzan en la década de los 40s, con el trabajo de Mario Salazar-Mallén, estableciendo los patrones de distribución de los grupos sanguíneos ABO en México (Jiménez-Sánchez, Frenk, y Soberón, 2012). Para la década de los 60s, tras la institucionalización de la genética en el país (Piñero, Barahona, Eguiarte, Rocha, y Salas, 2008), Rubén Lisker y su grupo identificaron grados de mixtura en la población mexicana basados en la distribución de alelos de hemoglobina en el país y los ligaron con estudios de distribución lingüística (Barahona, 2016). Con esto, Rubén Lisker y su grupo podrían probar hipótesis sobre la interacción histórica entre grupos étnicos (Barahona, 2016), como el caso de la relación de la hemoglobina S y la deficiencia de G6PD con la ascendencia *negra* (Lisker, Zarate, y Loria, 1966).

A principios del siglo XXI la investigación genética en México comenzó a alinearse hacia la construcción de una plataforma médico-genómica que tomara en cuenta variaciones específicas de la población mexicana y la existencia de un genoma mexicano único como resultado de la propia historia nacional. Estos

esfuerzos se alinearon en la construcción del Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) (Jiménez- Sánchez, 2002).

A pesar de lo anterior, no se ha analizado la manera en que estos estudios, enfocados en poblaciones circunscritas a las fronteras políticas del territorio de México, han sido ligados a conceptos identitarios ni la forma en que las prácticas científicas han intentado reducir el concepto de población a un constructo biológico de la genética de poblaciones. Lo anterior es una cuestión de importancia, sobre todo cuando se toman en cuenta las premisas ideológicas sobre las cuales se erigió la nación mexicana y la idea de mestizaje, que se encuentra arraigada en gran parte de sus habitantes.

La importancia de un estudio de este tipo, que analice la tendencia de las interpretaciones de este tipo de trabajos y cómo el discurso científico tiende a los esencialismos, radica en analizar el impacto del concepto 'genoma mexicano' en la construcción de la identidad no solo nacional sino también individual y étnica, con las consideraciones necesarias al momento de realizar estudios de genética poblacional en el país y la confrontación necesaria entre la base biológica y la construcción cultural de conceptos como mexicano e indígena que hasta ahora han sido planteados y usados indistintamente en áreas diversas como resultado de la mestizofilia.

Por ello, este proyecto busca hacer un análisis discursivo de la genética de poblaciones en el país, partiendo de la idea de que los estudios de genética poblacional pueden verse inmiscuidos en conflictos sobre las narrativas identitarias e impactar en el concepto de identidad, que bien es sabido está

construido en una base de relaciones socio-culturales más que de la base biológica. A partir de esto, he delimitado para este trabajo los siguientes objetivos.

Objetivo General:

- Hacer una exploración histórica del desarrollo de la genética de poblaciones en México, identificando los supuestos problemáticos a través del rastreo de usos de los términos “indígena”, “indio”, “mestizo” y “*native mexican*”, para comprender las implicaciones sociales, éticas e institucionales de los trabajos en el área.

Objetivos Específicos:

- Definir las etapas más importantes en el desarrollo de la genética poblacional en México para reconstruir el devenir histórico de la disciplina, mediante la revisión de archivos y fuentes de segunda mano.
- Identificar las líneas de investigación e ideas asociadas con los términos “indígena”, “indio”, “mestizo” y “*native mexican*” en el desarrollo de la genética poblacional, mediante el análisis del discurso de artículos relevantes en el campo, para hacer explícitos compromisos teóricos problemáticos.
- Discutir las repercusiones sociales, éticas e institucionales de los estudios de genética poblacional en la época actual, recurriendo a la noción de invisibilidad, para dar cuenta de las prácticas científicas que entran en conflicto con los derechos y narrativas de los pueblos indígenas y ofrecer algunas alternativas de armonización.

En este trabajo se hablará en primera persona en algunos momentos, debido a la importancia que le he dado al lugar de enunciación y al conocimiento situado. El conocimiento situado es un concepto relacionado con la postura epistemológica desarrollada por Donna Haraway en *Ciencia, cyborgs y mujeres: la reinención de la naturaleza* (1991), que se deriva de una crítica de la Teoría del Punto de Vista. El conocimiento situado sugiere hablar sobre el propósito de una investigación y resaltar el punto de partida ideológico, político y cultural desde donde se habla, ya que independientemente de cualquiera que sea el tipo de método científico utilizado, el conocimiento es inseparable de su contexto o de la subjetividad de quien lo enuncia. A este lugar epistémico es al que se le conoce como “lugar de enunciación” y el producto del mismo es el conocimiento situado.

En mi caso, mi lugar de enunciación parte de la crítica al uso arbitrario de etiquetas identitarias aplicadas a poblaciones indígenas y los criterios utilizados para definir quiénes son o no indígenas. Este uso de etiquetas atraviesa la historia de migración de mi familia, específicamente la de mi padre, y de su construcción social como zapotecas por un hecho que va más allá de determinantes genéticas, y falta de desplazamiento o uso de la lengua. Lo que hoy somos lo ha determinado nuestra construcción comunitaria, el tejido social que nos acogió y el cobijo que nuestra familia eligió a mediados del siglo pasado en el istmo zapoteca. Dicho de otro modo, la motivación de este trabajo es, entre otras cosas, cuestionar la manera en que la práctica científica ha constituido categorías que atraviesan corporalidades y vivencias como la mía y las de mi familia. Mi lugar de enunciación también se ubica en un espacio de profundo cuestionamiento de la

práctica profesional que he elegido anteponiendo mi experiencia como *binnizá* y migrante. Dicho lugar me permite articular un discurso y análisis a partir de las manifestaciones y diferencias estructurales de lo vivido. Mi interés en el tema surge como una crítica a la percepción que se tiene de las personas indígenas como objetos de estudio y proveedores de muestras en la práctica genética y genómica y no como sujetos políticos, considerando que estas personas indígenas comparten conmigo una categoría identitaria que ha sido vulnerada y minimizada desde políticas estatales y violencia estructural en múltiples espacios. En este reporte de investigación pretendo visibilizar y nombrar en un curso histórico las prácticas que han configurado la investigación con poblaciones indígenas y mestizas. Estas prácticas, en su mayoría extractivistas, hablan desde la hegemonía que busca relatar sus historias con nuestro ADN. El eje fundamental de este trabajo se centra en la dicotomía política indígena/mestizo, el cambio de términos utilizados en las disciplinas y la mestizofilia presente en los discursos de las mismas.

Para ello, exploré lo que se ha hecho en la genética de poblaciones en México desde la década de los 60s hasta el 2021; para lo cual me he embarcado en un proceso de exploración bibliográfica y he seleccionado las fuentes que, desde mi punto de vista, no son azarosas sino representativas de un discurso científico particular que retrata la mestizofilia hegemónica del país. Además, considero las críticas que se han hecho a este discurso científico para la época contemporánea a los programas de investigación enfocados a la genómica de poblaciones.

En este proyecto también analicé los estudios genéticos/genómicos sobre las migraciones que han dado forma a lo que hoy se conoce como nación mexicana, pues son estas mismas desde donde los conceptos de identidad pueden explicarse como un hecho que no es solamente genético, y sin embargo han sido representadas e interpretadas desde el esencialismo biológico del mestizaje y de la indigenidad.

Deseo aclarar que las obras citadas en este trabajo para realizar el análisis discursivo no pretenden ser una curación exhaustiva de todos los programas de investigación que se han llevado a cabo en México respecto a la genética y genómica poblacional, sino una muestra representativa que ilustra la tendencia que ha tomado esta investigación en la interacción de la ciencia con la sociedad y con los pueblos indígenas a los que toma como referencia.

Metodología

Mi estrategia metodológica fue la reconstrucción de los supuestos e ideas esencialistas problemáticas en fuentes bibliográficas, aplicando siempre un principio de caridad interpretativa para acercarme al pasado: se procuró realizar una lectura que remarcará la coherencia y trascendencia de los documentos analizados.

Accedí a tales documentos a través de repositorios nacionales e internacionales, realizando un proceso continuo, selectivo y valorativo, es decir, un ordenamiento, clasificación e interpretación reflexiva.

El método que empleé es descriptivo y analítico, porque hago una exposición detallada de la presencia de cierta terminología en los archivos, y porque realizo un análisis discursivo para identificar los elementos destacados, las relaciones sobresalientes, etc.

Mi ruta de investigación comprendió seis pasos concretos:

1. Indagación bibliográfica sobre la genética poblacional en México
2. Identificación de aportes significativos, etapas y actores clave.
3. Análisis de cada una de las etapas e identificación de influencias en las líneas de investigación.
4. Análisis del trabajo en el área en México en la época post genoma Humano: Políticas de salud y el Genoma Mexicano, tomando como punto de partida el año de la publicación del primer bosquejo de la composición genómica en el país : 2009
5. Discusión del panorama actual de la genética y genómica poblacional en México, colaboraciones internacionales y objetivos del trabajo.
6. Identificación de las implicaciones antropológicas y biomédicas de los estudios en el área y discusiones sobre el determinismo genético.

Este proceso de investigación devino en el trabajo que sucede a esta introducción, el cual está organizado en seis capítulos que reflejan los resultados de mi análisis. En el capítulo 1, a través de un recuento histórico presento los

antecedentes y la construcción del discurso hegemónico de la identidad nacional y el mestizo como unificador y representante de la idea nacionalista.

En el capítulo 2 presento cómo se dio la relación entre la genética poblacional y la ideología racial durante el siglo XX, además de situar dicha relación en los inicios y época preinstitucional de la genética poblacional en México.

El capítulo 3 presenta ejemplos ilustrativos de la genética poblacional mexicana en la segunda mitad del siglo XX. En este capítulo, se destaca la participación del Dr. Rubén Lisker como pionero en la genética poblacional en el país, al tiempo que analizo cómo los términos *mestizo*, *indian* y *mexican indian* se usan dentro del discurso científico y cómo éstos derivaron directamente del diálogo entre la genética poblacional y las fuentes antropológicas de interés en la vida institucional de México.

En el capítulo 4 presento la historia del Instituto Nacional de Medicina Genómica y las controversias surgidas respecto al término 'genoma mexicano'. Además, discuto el proceso de reclutamiento y toma de muestras para uno de los principales proyectos del INMEGEN y cómo las categorías de indígena y mestizo asociadas a dicho proyecto fueron configuradas.

En el capítulo 5 discuto la esencialización de las poblaciones indígenas en la genética y genómica poblacional en México, la introducción del término '*Native Mexican*' y su relación con el término '*Native American*'; además, realizo un análisis discursivo del término "pureza" y del uso de las fronteras políticas como

categorías discretas en el modelado de los estudios poblacionales y sus implicaciones para los resultados.

El capítulo 6 discute el concepto de invisibilidad aplicado a la investigación genética/genómica poblacional en México utilizando herramientas de los estudios sociales de la ciencia, como el lugar de enunciación, la teoría del punto de vista y la ciencia situada.

Este trabajo concluye con el capítulo correspondiente donde menciono la relación entre estructuras jerárquicas como la taxonomía indígena/mestizo y los retos que enfrenta la investigación en genética y genómica poblacional en México. Ante estos retos, planteo un abordaje crítico utilizando herramientas de la epistemología feminista como el conocimiento situado, la teoría del punto de vista y el lugar de enunciación.

Capítulo 1. Identidad Nacional y Mestizofilia en México

En el prólogo de 'México Mestizo' (1992), Agustín Basave menciona que por lo general la cultura precede a la nación, es decir, que hay rasgos culturales previos que ayudan a configurar las naciones-estado. Esto no sucede así en las naciones hispanoamericanas, donde se pone la idea de nación por delante de la idea de cultura y obligan a ésta a seguir dictados ideológicos de una nación que se presenta a sí misma democrática, progresista, blanqueada y filoccidental (Basave, 1992). Lo anterior hace referencia a que la construcción de las naciones postcoloniales estuvo enmarcada por la necesidad de la construcción de una identidad homogénea tras los movimientos independentistas. En el caso de los países de América Latina del Siglo XIX, a diferencia de las naciones europeas, primero se construyeron los Estados y después las naciones, que pronto cayeron en la necesidad de una conciencia e identidad propias (Basave, 1992).

En el caso de México, la conciencia nacional y su construcción tuvieron serios problemas para consolidarse en un principio. No obstante, todos coincidían en que la homogeneización poblacional era necesaria para la consolidación de la nación (López-Beltrán y García-Deister, 2013).

En un primer momento, se planteó la posibilidad de *criollizar* a la población, ya que después de la guerra de independencia la élite criolla enfrentaba una seria

crisis de identidad. Los criollos necesitaban discutir su postura contra Europa sin compararse con la población indígena, planteando la solución de “apropiarse del esplendor del indio muerto a cambio de desvincularse con la miseria del indio vivo”, blanqueando así la figura del mestizo heredada del sistema de castas colonial (Basave, 1992).

En estos primeros años de vida independiente existió una discusión sobre los sistemas que deberían adoptarse para gobernar la nación y se retomó la visión negativa que se tenía del indígena (Álvarez Peralta, 2007), desdeñando su pertenencia a la nación mexicana y promoviendo incluso su desnacionalización (Basave, 1992).

Entre 1846 y 1848 los liberales propusieron la libertad de culto a los extranjeros con el objetivo de atraer a los protestantes de Europa Nórdica, mientras los conservadores proponían a un príncipe europeo. Cualquiera de las dos visiones tenía como objetivo crear una nación blanqueada, un México europeo, borrando al indígena o limitando su participación en los espacios públicos, sociales y culturales (Basave, 1992). En otras palabras, el indígena debía desaparecer en lo que sería una de las primeras manifestaciones de “el problema indígena” .

En 1849, José María Luis Mora, quien fue asesor de los ministros de Relaciones Exteriores de México ante Londres hasta 1848 y es considerado el padre del liberalismo mexicano (Soberanes Fernández, 2019), propuso al gobierno la fusión de todas las razas en una sola con el fin de evitar las sublevaciones indígenas como la Guerra de Castas, entre otras (Basave, 1992). Tales

sublevaciones generaban inestabilidad en el país recién surgido, y ponían en peligro la unidad nacional y la gobernabilidad. Además, se relacionó a los indígenas con la pereza, el alcoholismo y la tendencia a la rebelión, características indeseables para el Estado y consideradas problemáticas. La eliminación del problema indígena consistía en la asimilación de los indígenas al nuevo proyecto de nación.

La recomendación de José María Luis Mora puso por primera vez al mestizo en el foco principal y estaba enmarcada en un contexto histórico de disputas entre liberales que pugnaban por la desindigenización de las poblaciones rurales, y conservadores quienes buscaban un gobierno central y monárquico de cepa hispánica (Aguilar Carmín,1993 citado en Álvarez Peralta, 2007). Además, entre las distintas rebeliones indígenas, la intervención extranjera por Estados Unidos y la consecuente pérdida de más de la mitad del territorio, y la intervención francesa y el período de inestabilidad dentro del país, acentuaron la necesidad de unificar a la población mexicana en una figura que les confiriera identidad y sentido de pertenencia a la frágil nación. (Álvarez Peralta,2007)

Con la República Restaurada, en 1867, el gobierno nacional de corte liberal logró articulación y cohesión política (Aguilar Carmín,1993 citado en Álvarez Peralta, 2007). La mestizofilia se consideró de manera seria por primera vez, e intelectuales de la época como Gabino Barreda comenzaron a hablar de borrar toda distinción de raza (Barreda, 1870 citado en Basave,1992).

La *mestizofilia* sería un proceso esencial para la construcción de la nación mexicana después de la independencia y los procesos políticos derivados de ella

en el siglo XIX. Este proceso nacionalista de unificación de la identidad nacional en un sólo eje cultural e histórico se concretó en el Porfiriato y fue consagrado por la Revolución Mexicana y el período posrevolucionario, y fue considerado necesario para poder avanzar en la homogeneización de la identidad nacional y su vinculación con la mexicanidad (Basave, 1992; Navarrete, 2005).

El Porfiriato es una etapa histórica caracterizada por su acercamiento al cientificismo, que se propondría para garantizar el orden y progreso de una nación que se veía anárquica con anterioridad (Navarrete, 2005) y que impondría la dictadura como el único camino para lograr la unidad nacional.

En la obra *'México a través de los siglos'* coordinada por Vicente Riva Palacio (Riva Palacio, 1884, citado en Florescano,2002) se presenta una unidad de discursos entre la antigüedad prehispánica, el virreinato, la independencia y la reforma. Este texto representaba la postura nacionalista y postuló el mito de la nación homogénea (Florescano, 2002). En dicha obra se concebía al mestizo como el unificador de todas las contradicciones étnicas, ideológicas y de clase. El mestizo tomaría el papel protagónico respecto al progreso nacional durante el Porfiriato, y Porfirio Díaz sería considerado el ejemplo perfecto de tal grupo (Álvarez Peralta, 2007).

En 1910 estalló la Revolución Mexicana, y con ella se sentaron las bases del Estado moderno que permitieron la reinserción de México en el escenario global. En esta época se redefinieron los símbolos nacionales y contenidos culturales relacionados con la identidad mexicana. El mestizo fue colocado en el centro de la discusión de la mexicanidad y se le equiparó con la esencia de lo

nacional. Aquí el mestizo comenzó a situarse como el equivalente del mexicano (Basave, 1992).

Durante la guerra de la revolución, Manuel Gamio aparece en escena con nuevas ideas sobre la nación y su composición social. Con *Forjando patria* (1916) presentó un proyecto integracionista progresivo que trabajaba en cuatro ejes fundamentales y se dirigía a la consolidación de 'una patria poderosa y una nacionalidad coherente y definida' (Gamio, 1916). Sus cuatro ejes eran "fusión de razas, convergencia y fusión de manifestaciones culturales, unificación lingüística y equilibrio económico de los elementos sociales", presentados como las características necesarias de la población mexicana (Gamio, 1916).

La fusión de razas, el primer punto del proyecto integracionista progresivo de Gamio, hablaba justamente de la integración de las poblaciones indígenas, o el bronce americano, que hasta entonces había sido relegado por el cobre de la raza latina (Gamio, 1916). Tal fusión, consideraba que debía existir una mezcla no solo biológica sino también a nivel cultural, amalgamando tradiciones y costumbres para crear una cultura nacional, con el español como *lingua franca* (Castillo Ramírez, 2013). Tal mezcla debía ocurrir entre todos los sectores sociales y étnicos para construir un nuevo sector poblacional. Así, la propuesta de Gamio podría considerarse como el antecedente más próximo al proyecto de mestizaje y mestizofilia del siglo XX, al mencionar explícitamente la necesidad de fusiones. Aunque el proyecto de mestizaje que Gamio promovía tenía una visión indigenista al utilizar al indio como el eje central de la conformación, esto no quiere decir que

no se basaba en principios eugenistas cuyo objetivo era lo que llamaba “mejoría poblacional” (Stern, 2000). Además, la política integracionista de Gamio, también se aproximaba al blanqueamiento y occidentalización, siguiendo el modelo unívoco de progreso de las naciones europeas (Castillo Ramírez, 2014).

El trabajo de Gamio fue presentado nueve años antes que el trabajo de José Vasconcelos, uno de los autores más referidos al hablar sobre el mestizaje. Ambos autores reflejaban en sus obras el deseo y la necesidad de tener una raza única, híbrida, homogénea y pura, concepto que Andrés Molina Enríquez había propuesto antes (Stern, 2000).

A diferencia del proyecto indigenista de Gamio, José Vasconcelos propondría un proyecto de construcción nacional donde el mestizo fuera el eje unificador, como una raza y fusión de estirpes que *“no será la futura ni una quinta ni una sexta raza, destinada a prevalecer sobre sus antecesoras; lo que de allí va a salir es la raza definitiva, la raza síntesis o raza integral, hecha con el genio y con la sangre de todos los pueblos y, por lo mismo, más capaz de verdadera fraternidad y de visión realmente universal”* (Vasconcelos Calderón, 1925).

En ‘La Raza Cósmica’ (1925), Vasconcelos menciona los principios mendelianos de la herencia para argumentar la formación de una raza infinitamente superior a todas las que han existido, para la perfección gradual de la especie. En esta línea, planteaba que se unirían los caracteres y rasgos superiores de los indios, blancos, *“y aún los negros”* donde se logre el mejoramiento étnico (Vasconcelos Calderón, 1925).

El concepto de ‘mestizaje’ que apoyaba Vasconcelos iba ligado de alguna manera al ensalzamiento de lo hispánico y europeo, la belleza y el gusto estético. Su concepto de mestizo tendía a borrar la presencia de los negros, quienes, decía, desaparecían con el tiempo junto con rasgos indeseados e inferiores; mientras que los indígenas debían modernizarse para ser incluidos en la nación, o desaparecerían (Manrique, 2016) y la nueva Humanidad sería regida por *‘una ley que irá seleccionando factores para la creación de tipos predominantes, ley que operará no conforme a criterio nacional, como tendría que hacerlo una sola raza conquistadora, sino con criterio de universalidad y belleza’* (Vasconcelos Calderón, 1925). Así, Vasconcelos colocaría a la nación mexicana como precedente de la infame “raza cósmica” que le daría identidad al país.

El mestizo es considerado como la construcción final de la identidad de la patria mexicana, una *‘noble amalgama de lo mejor que las culturas madres pudieran ofrecer’* (Bonfil Batalla, 1993 en Álvarez Peralta, 2007) desde un doble discurso que si bien enuncia románticamente el ideal de mezcla de sangres y culturas, también dicta que *para ser mexicano hay que amestizarse* (Gall, 2004), y así el concepto *mestizo* se volvió equiparable al concepto *mexicano* (López-Beltrán y Garcia-Deister, 2013), lo que representa el pináculo del proceso de construcción de identidad nacional a través de la mestizofilia.

Capítulo 2. La mexicanidad en la genética poblacional

El uso de material genético para el estudio de las variaciones entre grupos humanos no es algo nuevo. El inicio de estos trabajos en la era moderna está dado por el descubrimiento de los grupos ABO por Landsteiner a inicios del siglo XX (Anifowoshe, Owolodun, Akinseye, Iyiola, y Oyeyemi, 2017; Bodmer, 2015; Jorde, Watkins, y Bamshad, 2001). Desde un enfoque general, el uso de los grupos ABO como marcadores poblacionales dieron paso a estudios que contribuyeron a dar respuesta a ciertas preguntas relacionadas con la evolución de nuestra especie y pautaron el diseño de líneas de investigación que se enfocaban al uso de material genético y sus variaciones entre poblaciones para analizar y entender cuestiones biomédicas e históricas (Jorde et al., 2001; Parma, 2015).

La serología racial se considera la primera generación de genética poblacional en humanos, favorecida por la Primera Guerra Mundial, durante la cual se estudiaron diferencias de distribución de grupos sanguíneos categorizados por los conceptos de nación y raza (Manickam, 2016; Marks, 2012). Estos trabajos serían utilizados posteriormente para mantener discursos raciales y nacionalistas que se extendieron hasta la Segunda Guerra Mundial (Bangham, 2014).

En 1919, Hanka y Ludwig Hirschfeld publicaron el artículo '*Serological differences between the blood of different races. The result of researches on the Macedonian front*' (1919), considerado el primer estudio de variación genética en poblaciones humanas (Bodmer, 2015). En este trabajo, basándose en los tipos sanguíneos A y B, utilizaron muestras obtenidas de soldados en Salonika, Grecia en el marco de la Primera Guerra Mundial (Hirschfeld y Hirschfeld, 1919; Marks, 2012). El trabajo de Hirschfeld y Hirschfeld proponía utilizar las diferencias serológicas entre seres humanos para abordar el asunto racial más allá de marcadores anatómicos y antropométricos, de modo que pudieran entenderse las relaciones y diferencias entre grupos poblacionales humanos. A través del cálculo de las proporciones en tres grupos con tipo sanguíneo A y tipo sanguíneo B establecieron un índice bioquímico racial como medida entre razas categorizando los resultados en tres tipos arbitrarios: Europeo, Intermedio y Asio-Africano (Hirschfeld y Hirschfeld, 1919).

Posteriormente, los estudios de genética humana durante la Guerra Fría buscaron describir los efectos de la radiación en los seres humanos, la herencia de enfermedades como la anemia de Fanconi y su relación con los procesos de 'mezcla' racial (de Souza y Santos, 2014) en un esfuerzo con interés médico, como varios estudios en la época. Para 1961, las tendencias en genética poblacional iban relacionadas a estudios de consanguinidad y la influencia de alelos recesivos en patologías, donde se consideraba que la genética poblacional podría brindar un estándar diagnóstico de alta calidad para síndromes clínicos complejos (Stevenson, 1961).

La genética poblacional fue impulsada por Theodosius Dobzhansky y Leslie Clarence Dunn en 1951, según lo menciona Veronika Lipphardt (2012) , como una respuesta al abordaje del estudio de raza después de la Segunda Guerra Mundial. Desde esta perspectiva de Dobzhansky y Dunn se pensaba que con la genética de poblaciones era posible contrarrestar a la llamada ideología racial de mediados del siglo XX. Esta ideología racial consideraba solamente la taxonomía del ser humano, con énfasis en el color de piel y otras características antropomórficas, y asumía a la raza como un ente que no cambiaba, además, algunos de los proponentes de esta ideología racial dibujaban la línea entre razas superiores e inferiores. Dobzhansky y Dunn creían que la raza podía ser estudiada a partir de una visión “moderna y científica”, mediante las estrategias de la genética poblacional que incorporaba al análisis el dinamismo evolutivo de las poblaciones. Así la palabra ‘raza’ fue sustituida por la palabra ‘población’ en estudios subsecuentes sobre la diversidad humana (Lipphardt, 2012).

El trabajo de Dobzhansky fue de gran influencia para la creación de centros de investigación de genética humana en Brasil (de Souza y Santos, 2014) y contribuyó a la institucionalización de la genética en México a través de su relación profesional con el Dr. Alfonso León de Garay y su alumno el Dr. Víctor Salceda. (Barahona y Ayala, 2005, Barahona, 2015). Para el caso de México, es conveniente realizar una revisión exhaustiva de lo que se realizó antes y después de la institucionalización de la genética para poder identificar y rastrear las líneas seguidas durante ese tiempo y a qué situaciones históricas o sociales responden los cuestionamientos que plantean.

Inicios de la Genética poblacional en México.

En México los estudios de genética humana y su consolidación son algo relativamente nuevo, cuyo inicio se sitúa hacia la década de los 40s (Jiménez-Sánchez et al., 2012). La genética poblacional es considerada la primera rama de genética médica trabajada en el país (Barahona, 2013). En la década de los 40s, los médicos mexicanos abordaron el estudio de enfermedades desde una perspectiva genética, buscando entender las relaciones ambientales y de herencia con la transmisión de las mismas. Los trabajos de esa época obedecen al interés sobre distribución y herencia de patologías relacionadas con enfermedades inmunológicas (Barahona, 2016) y constituyen un período de consolidación de la genética poblacional en el país.

Una de las investigaciones que marca ese período de consolidación fue encabezada por el Dr. Mario Salazar Mallén quien se enfocó en la década de los 40s, junto con su grupo de investigación del Hospital General, en la detección de anomalías en la hemoglobina de poblaciones urbanas e indígenas (Barahona, 2015). Entre 1944 y 1949, Salazar Mallén, Teresa Arias y su grupo de investigación describieron la distribución de grupos sanguíneos ABO entre la población mexicana, utilizando como categorías descriptivas a los grupos de poblaciones indígenas y poblaciones mestizas (Jiménez-Sánchez et al., 2012). Este trabajo utilizó los aglutinógenos como marcadores en siete grupos étnicos distintos y un grupo mestizo en el Distrito Federal (hoy Ciudad de México) para

caracterizar grupos sanguíneos, y los reportó en 1949 y 1952. Salazar Mallén colaboraba entonces con el Instituto Nacional Indigenista, que le proveyó la infraestructura para la toma de muestras y la línea de comunicación con poblaciones indígenas (Barahona, 2016).

Otro ejemplo es el artículo "*Individual blood differences in Mexican Indians, with special reference to the Rh blood types and Hr factor*" de Wiener et al. (1945), en este trabajo se analizó la distribución de tipos sanguíneos y el factor Hr en indios mexicanos originarios de Tuxpan, Veracruz. La selección del lugar del muestreo consideró el aislamiento de la población de otros "individuos blancos y mexicanos"(Wiener et al., 1945). En este artículo se utiliza el término "sangre pura" para describir a los 98 individuos y se hablaba de comparación "con otras razas"(Wiener et al., 1945).

El grupo sanguíneo Diego también fue de interés para la investigación en la genética de poblaciones en México. Dicho grupo fue descubierto por Robert Levine en 1953 y fue considerado un factor privado o familiar (Junqueira y Castilho, 2002). En 1955, el grupo Diego fue descrito como un "factor indio" a partir del estudio de las características físicas de individuos con grupo Diego de diferentes poblaciones. La frecuencia de Diego fue más alta en la población de indios caribeños. Posteriormente se realizaron otros estudios en poblaciones indígenas de Brasil donde también se encontró la presencia del grupo Diego (Junqueira y Castilho, 2002).

En 1956, el grupo Diego comenzó a describirse como un factor característico de poblaciones mongoloides después de que se realizaran

estudios en personas originarias de Cantón, China y Japón, al tiempo que se compararon muestras de poblaciones Chippewa y Japonesas. En todas las poblaciones analizadas hubo presencia del grupo Diego (Junqueira y Castilho, 2002).

En 1959, Salazar Mallén y Teresa Arias publicaron el estudio de la frecuencia del grupo sanguíneo Diego, que para ese momento ya se consideraba “característico de poblaciones mongoloides”, en una población indígena de Tlaxcala donde encontraron en el 20.39% de los casos la presencia de este factor (Barahona, 2016; Salamanca Gómez y Cárdenas Barahona, 1982). El trabajo de Salazar Mallén obedeció a la tendencia mundial de la incorporación de la genética con fines médicos y el uso de la genética poblacional para lograr esos objetivos.

Las investigaciones que Salazar Mallén llevó a cabo están situadas en la época pre-institucional de la genética de poblaciones, pues no fue hasta la década de los 60s que se establecieron los primeros grupos de investigación en genética en hospitales de la Ciudad de México y Guadalajara (Jiménez-Sánchez et al., 2012). En esta misma década, con la implementación de nuevas técnicas como la electroforesis, los trabajos en grupos sanguíneos se retomaron para medir la variabilidad genética en la población mexicana; entre ellos destacan los de Rubén Lisker y sus colaboradores, cuyo enfoque fue el de la genética poblacional.

Capítulo 3. Rubén Lisker y la consolidación de los estudios de la genética poblacional en México durante la segunda mitad del siglo XX

Rubén Lisker Yourkowitzky fue un médico estadounidense nacionalizado mexicano, nacido en Nueva York el 11 de abril de 1931. Estudió Medicina en la Universidad Nacional Autónoma de México y se formó como hematólogo de 1954 a 1957 en el hospital Michael Reese de Chicago Ill. y como genetista en la división de genética médica de la Universidad de Washington en 1965. Fue profesor en la UNAM, investigador en el departamento de Genética del Instituto Nacional de Ciencias Médicas y de la Nutrición Salvador Zubirán y miembro de la Asociación Mexicana de Genética Humana (Secretaría de Educación Pública, 2003). Falleció el 09 de diciembre de 2015 (Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán, 2015).

El trabajo de Lisker es importante para entender cómo se configuró y consolidó la genética de poblaciones en el país, porque forma parte de la etapa institucional de la genética humana en México. Una de sus primeras líneas de investigación estuvo dirigida a la identificación de grados de mixtura en poblaciones mexicanas basándose en la distribución de hemoglobina que, además, ligó con los estudios de distribución lingüística de Mauricio Swadesh

(Lisker,1981). Este estudio fue de gran importancia ya que permitió relacionar la variación genética con datos de interacción histórica entre poblaciones.

Lisker creía que estudiar las poblaciones obedecía no sólo a intereses antropológicos, sino también médicos. De hecho, influyó en la creación de políticas públicas de salud y formó parte de la Campaña Nacional para la Erradicación del Paludismo (Barahona y Suarez-Diaz, 2014). Otro de los aportes de Lisker y su grupo fue la caracterización de la malaria, desde donde estableció vínculos entre la deficiencia de glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PD) y la presencia de poblaciones negras/*negroides* en la costa Oaxaqueña. Cabe mencionar que el trabajo de Lisker es considerado también como el punto de partida para el desarrollo de la genética médica y de poblaciones en México, no sólo por los aportes mencionados anteriormente, sino por su reconocimiento de México como un mosaico etnográfico y su trabajo posterior en la discusión de los retos e implicaciones éticas de los estudios de genética poblacional en México y la defensa de investigaciones que involucran tamizaje y pruebas genéticas contra los principios eugenésicos (Lisker et al.,1999). Lisker concluye que a pesar de las similitudes entre los presupuestos de la investigación genética entre China y México, no se podía hablar de propósitos eugenésicos debido a la ausencia de coerción ni de intenciones de mejorar el pool genético en México (Lisker et al., 1999)

El trabajo de Lisker y su grupo durante los 60s, además de otros equipos de investigación, buscaba explicar cuestiones hematológicas y genéticas en la

población mexicana, de modo que los estudios de genética poblacional realizados estaban justificados clínicamente.

Una revisión documental de los artículos citados en 'La estructura genética de la población mexicana: Aspectos médicos y antropológicos' (Lisker, 1981) me ha permitido identificar tres ejes discursivos en los trabajos de genética poblacional en México durante esa etapa respecto al uso de categorías poblacionales:

- Las fuentes antropológicas utilizadas para definir las categorías poblacionales para los estudios de genética poblacional.
- El uso del término '*indians*' o '*mexican indians*'.
- El uso del término 'mestizo' como etiqueta que representa al mexicano.

A continuación se profundizará en el análisis de estos tres ejes discursivos.

Fuentes antropológicas de interés utilizados para definir los criterios de inclusión y exclusión para los estudios de genética poblacional.

La genética poblacional se configuró como una herramienta de análisis no solamente médica sino también antropológica para describir a la nación mexicana. Un ejemplo de esto lo tenemos en Steinberg et al. (1967), quienes trabajaron con antígenos Gm e Inv para inmunoglobulina G, y mencionan:

"The Gm antigens have proven to be exquisitely sensitive tools for the study of populations (see Muir and Steinberg, 1967, for review). Not only do the frequencies of the

antigens vary from population to population, but they also are transmitted by different alleles in different races. They are thus a powerful tool for the detection and quantification of racial admixture” (Steinberg et al., 1967)

Con lo anterior es posible señalar que los trabajos en genética poblacional no estaban buscando solamente elucidar cuestiones sobre salud, sino que buscaba, de alguna manera, develar y esbozar la estructura racial de la población mexicana, a manera de calcular el porcentaje de mezcla entre negros, blancos e indígenas. Se hablaba de porcentajes de mixtura racial y de relaciones entre la ubicación geográfica y patrones de distribución de antígenos.

La serie de estudios producida durante ese tiempo tenía características de distinción poblacional que probablemente estaban basadas en la vieja escuela indigenista, mestizos y tribus indias (indígenas), como se ejemplifica en Steinberg et al. (1967):

“Serum samples from five Mexican Indian tribes, the Cora, Huasteco, Chol, Mazateco, and Zapateco, were collected by members of the Instituto Nacional de la Nutricion in Mexico. The populations and the selection of the samples are described in the references cited above” Steinberg et al. (1967). Énfasis propio

Esta suposición es hecha tomando en cuenta la participación de instituciones como el Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH) para diseñar el muestreo, que durante esa década destacaba por la aplicación de la tendencia culturalista, definida como aquella que “subraya los rasgos culturales de los grupos indígenas (tales como la lengua, el vestido, las costumbres y las instituciones sociales comunitarias) y los contrasta con la cultura dominante o

mestiza (también llamada nacional)” (Stavenhagen, 1989 en Korsbaek y Sámano-Rentería,2007).

El criterio común en los trabajos de genética poblacional de aquellos años era la intención de estudiar indígenas no mezclados, quienes eran caracterizados por su idioma y sitio de residencia (Lisker,1981). En el caso de los criterios establecidos por Lisker y su equipo para obtener las muestras de indígenas para los estudios no se muestran de manera detallada como para Steinberg et al., 1967. Sin embargo, en Cordova, Lisker, y Loria (1967) se hace mención a la toma de muestras dentro de escuelas para indígenas monolingües no hispanohablantes, utilizando la ayuda del Instituto Nacional Indigenista; mientras que en Lisker (1981) se señala que se procuraban estudiar distintos representantes de los grupos lingüísticos y en medida de lo posible “dos o más subgrupos que hablaran el mismo idioma, pero que tuvieran diferentes hábitats”. Los grupos lingüísticos a los que Lisker se refiere son el Macromaya, Macromixteco, Tarasco, Macronahua y Macroyuma, originados por la clasificación léxico-estadística de Mauricio Swadesh. Esta clasificación metodológica conocida como glotocronología mide los periodos de divergencia mínima entre los idiomas basándose en comparaciones de palabras con lenguas emparentadas entre sí (Swadesh,1960 citado en: Swiggers, 2016). La importancia de la clasificación glotocronológica de Swadesh para los trabajos de genética de poblaciones en México se centra en ubicar la distribución geográfica de las lenguas habladas por los individuos de interés, acomodarlas como subgrupos dentro de los 5 principales y a partir de allí poder realizar el muestreo. Para poder trabajar cumplir con el

criterio de 'indígenas no mezclados', se analizaron indígenas monolingües que residieran en comunidades indígenas.

El término '*indians*' o '*mexican indians*'

En esta subsección, a través del recuento bibliográfico presentaré una selección ilustrativa del resultado de la categorización de las poblaciones indígenas y la retórica discursiva utilizada en la investigación en genética poblacional en la época de 1960-1981. En el prólogo de "Estructura Genética de la población mexicana: Aspectos médicos y antropológicos" (1981), Lisker menciona respecto a las relaciones entre las categorías poblacionales y la salud que el origen de estos estudios deviene de dos vías: la médica y la antropológica, resaltando el diálogo disciplinar comentado en la sección previa:

"La información sobre la estructura genética del mexicano proviene de dos tipos de estudios: unos con orientación fundamentalmente médica, como son las investigaciones sobre errores congénitos del metabolismo o aberraciones cromosómicas, y otros con orientación antropológica, realizados con el objetivo de caracterizar biológicamente a determinadas poblaciones." (Lisker,1981)

Previamente, Rubén Lisker en Lisker et al. (1964), trabajando con frecuencias de pseudocolinesterasa (BCHE) para cuatro poblaciones, describe que:

*"This communication presents the results obtained in 377 **Mexican Indians** who belong to 4 different linguistic groups: 170 Nahuas, 96 Mixtecos, 64 Yaquis and 47 Tarahumaras. The details of their habitats and general characteristics have been presented*

elsewhere. The people examined were not closely related and were apparently pure Indians, although the blood group investigations indicate that a small degree of admixture with Caucasians exists” (Lisker et al., 1964) Énfasis propio.

Otro ejemplo viene de Cann et al. (1973), quienes utilizan la clasificación glotocronológica al hablar sobre la estructura genética del sistema HL-A (antígenos HL-A1,HL-A2,HL-A5,HL-A7 y HL-A9) en una población nahua. Ellos mencionan:

*“Mexican Indians speak close to 50 different dialects, which Swadesh has classified into 5 major groups: Macro-Maya, Macro-Mixteca, Macro-Nahua, Macro-Yuma and Tarasco (Swadesh 1959). **The Nahua, a major branch of the Macro-Nahuan, constitute the largest present Mexican Indian community [...]** they are distributed in 10 different states of central Mexico. They live in numerous small villages, some fairly isolated, with many **individuals still unable to speak Spanish. This last characteristic is often used as a criterion of “purity” of such populations.** Each village functions as a relatively independent breeding group with little exchange with others”. (Cann et al., 1973) Énfasis propio*

Por otro lado, Crawford et al. (1974) al hablar sobre distancias genéticas entre poblaciones indias de México, describe así la elección de la zona de toma de muestras y el estudio de flujos genéticos en Tlaxcala de esta manera:

*“The demographic structure of a **Mestizo town** (Tlaxcala), and an **Indian community** (San Pablo del Monte) have been recently described (Halberstein and Crawford, '72). **The Mestizo town is characterized by higher social mobility, lower mortality and morbidity rates, and lower fertility than the Indian community.** San Pablo del Monte exhibits low residential mobility, high neonatal mortality, high fertility variance and a Crow's index of opportunity for selection more than twice that of Tlaxcala.*

*This report presents one portion of a field study by a team of investigators who spent two months in the State of Tlaxcala during the summer of 1969, analyzing the rate and direction of gene flow between the **Spanish and Indian** populations in post-contact Mexico. The Valley of Tlaxcala was chosen for the study because of the unique presence of relatively unhybridized Indian populations sharing similar environmental conditions with communities that have experienced considerable gene flow". Crawford et al. (1974), Énfasis propio*

El patrón general de uso al hablar de poblaciones indígenas en estos estudios es referirse a ellas con el término '*Indians*' con variaciones como '*Mexican indians*', lo cual es concordante con las tendencias de la descripción de la antropología física y biológica ejemplificada en las descripciones de Juan Comas. En dichas descripciones, Comas acepta la categoría 'amerindio' propuesta por antropólogos para "unificar a los aborígenes" (Comas, 1968).

En los reportes de resultados en español, el término utilizado solía ser indígena mexicano o indígena comparado con 'amerindio' o poblaciones amerindias como se ejemplifica en la siguiente cita de Lisker:

*"La baja frecuencia de hemoglobina S y de deficiencia en la G-6-FD eritrocítica, vista en los **indígenas mexicanos** va de acuerdo con lo que se ha descrito previamente en los **amerindios**. Además, debe hacerse notar que todos los casos con estas anomalías se encontraron en las zonas costeras de México, donde, por datos históricos, sabemos que desde la Conquista fue traído un número considerable de esclavos africanos". (Lisker, 1965)*

El término 'mestizo' como sinónimo del mexicano en el discurso científico

En “La genética humana en México”, Kofman-Alfaro et al. (1991) presentan la historia de los estudios de genética poblacional realizados por personas con entrenamiento formal en genética que diseñaban y generaban investigaciones para caracterizar a grupos indígenas y mestizos del país, además de calcular los porcentajes de contribución de indios, blancos y negros a la población actual.

Uno de estos casos es el trabajo de Gorodezky, Terán, y Escobar-Gutiérrez (1979). Este trabajo está enfocado en la distribución de los antígenos HLA relacionados con espondilitis y enfermedades autoinmunes. Aquí enfatizan la importancia del mestizo desde una perspectiva histórica y la adopción del discurso de la identidad nacional homogénea: Alrededor del 95% de la población mexicana es mestiza, y citan lo siguiente:

*“The origins of the **Mexican Mestizos** date back to the 16th century when the country was conquered by the Spaniards around 1520. During the 300 years of Spanish domination, a continuous and active inter-mixing took place, despite the inhibiting social and cultural distinctions between the natives and the Spaniards. A black component was added to this mixture via the influx of African slaves to Mexico during that time. After independence was achieved in 1810, immigration was almost stopped and the intermixing continued among the prevailing racial groups - various combinations of the already settled **Mestizos, Blacks and Indians**. As a result, about 95% of the total Mexican population, including five million **Mexican-Americans**, is currently composed of Mestizos (Cue-Canovas 1961, Aguirre-Beltran 1972, Sanchez-Albornoz 1973)”. (Gorodezky et al., 1979). Énfasis propio*

La justificación de este artículo hace énfasis en la construcción histórica de la población datada desde el siglo XVI, validando desde allí la categoría biológica utilizada para el estudio: Mestizo, la cual se ve reforzada durante la presentación de resultados del artículo resaltando en su unicidad. Se propone al mestizo como el habitante único o mayoritario retomando narrativas históricas sobre la nación, y se justifica la toma de muestras de la población mexicana bajo ese discurso. El mestizo se plantea nuevamente en el marco de estudios de asociación y con un objetivo clínico cuya estructura genética pueda explicar la prevalencia e incidencia alta de ciertas enfermedades. Lo anterior, cae en la reiteración del origen nacional y del uso de categorías históricas aplicadas a realidades biológicas.

En las tablas 3.1 y 3.2 [ver final del capítulo] se muestran las frecuencias de los antígenos A y B para HLA. En la tabla 3.1, las frecuencias más altas para los mestizos son A2 y A9, mientras que en la tabla 3.2, las frecuencias más altas son B5, B35 y B40. Las tablas claramente señalan 'mestizos' dentro de la clasificación de las muestras, sin embargo, en la presentación de resultados se menciona:

*'The results clearly show that the highest gene frequencies in Mexicans are for A2, sponds to the antigen frequency A9, B5, Bw35 and B40, [...] At the B locus, B5, Bw21 and B37 appear to reflect mixtures of both groups; B8, B14 and B17 are more frequent than orientals, and of course B8 is less common in **Mexicans** than in the majority of Caucasians (5.9% versus 9.17%) (Pickbourne et al. 1978), although similar to Spanish frequency. B7, B12 and B15 are lower than in all groups, while Bw35 is especially increased in Mexicans (23.9%) and is apparently a characteristic marker in them'(Gorodezky et al., 1979)*

Dentro de la presentación de resultados de las tablas 3.1 y 3.2, el mestizo deja de aparecer y se le señala como "mexicano". Aquí es sumamente notoria la

equiparación del mestizo con el mexicano, dándole a la primera categoría un carácter de identidad nacional. En otro apartado del artículo, al presentar los resultados, se aprecia lo siguiente:

*The results clearly showed that the HLA distribution differs from other ethnic groups and the predominant antigens are A2, A9,B5, Bw35 and 840, but the general pattern clearly shows the participation in genetical composition of **Spanish and Mexican Indian backgrounds**. (Gorodezky et al., 1979) Énfasis propio.*

En la frase resaltada en el párrafo anterior, se evidencia el uso de las enunciaciones históricas y sociales sobre el mestizaje para explicar realidades biológicas, trasladando realidades sociales a las reveladas por estudios genéticos y de ascendencia.

En este sentido, el mestizo aparece en la investigación como un agente equiparable al mexicano al tiempo que enaltece y refleja la dicotomía mestizo/indígena, aplicando bases de lo que Stavenhagen (1978, citado en Korsbaek,2007) denomina “el enfoque culturalista” del indigenismo.

Tabla 3.1 Frecuencias de especificidad de HLA-A en mexicanos en comparación con otras poblaciones. Tomada de Gorodezky et al. (1979)

Table 1
Frequencies of HLA-A specificities in Mexicans in comparison with other populations

Specificity	Mestizos		Mexican * Americans	Spaniards **	Japanese *** (Mongoloids)
	Antigen frequency	Gene frequency			
A1	0.120	0.061	0.059	0.114	0.012
A2	0.530	0.315	0.287	0.294	0.253
A3	0.145	0.075	0.082	0.091	0.007
A9	0.352	0.195	0.167	0.129	0.372
A10	0.125	0.064	0.044	0.049	0.127
A11	0.155	0.081	0.044	0.059	0.067
Aw25	0	0	—	—	—
Aw26	0.010	0.005	—	—	—
A28	0.150	0.078	0.051	0.020	—
A29	0.015	0.008	0.023	0.102	0.002
Aw30	0.040	0.020	0.051	0.035	0.004
Aw31	0.035	0.018	—	0.004	0.087
Aw32	0.015	0.008	0.088	0.038	0.004
Blanks	0.315	0.172	0.104	0.044	0.042

*From Albert et al. 1973, given as gene frequencies.

**From Vives et al. 1975, given as gene frequencies.

***From the results of the Histocompatibility Workshop 1977 held in Oxford, England 1977, given as gene frequencies.

Tabla 3.2 Frecuencias de especificidad de HLA-B en mexicanos en comparación con otras poblaciones. Tomada de Gorodezky et al. (1979)

Table 2
Frequencies of HLA-B Specificities in Mexicans in comparison with other populations

Specificity	Mestizos Antigen frequency	Gene frequency	Mexican* Americans	Spaniards**	Japanese*** (Mongoloids)
B5	0.240	0.128	0.073	0.080	0.209
B7	0.110	0.056	0.047	0.075	0.070
B8	0.115	0.059	0.047	0.042	0.002
B12	0.070	0.035	0.105	0.182	0.064
B13	0.020	0.010	—	0.022	0.007
B14	0.080	0.041	0.057	0.057	0.005
B15	0.070	0.035	0.043	0.042	0.092
Bw16	0.075	0.038	0.020	0.041	—
B17	0.090	0.046	0.023	0.039	0.005
B18	0.060	0.030	0.036	0.068	—
Bw21	0.065	0.033	0.022	0.065	0.015
Bw22	0.045	0.023	0.034	0.020	0.065
B27	0.050	0.025	0.019	0.028	0.002
Bw35	0.420	0.239	0.153	0.099	0.093
B37	0.020	0.010	—	—	0.007
Bw39	0	0	—	—	0.046
B40	0.200	0.105	0.105	0.043	0.218
Bw42	0.040	0.020	—	—	—
Blanks	0.230	0.122	0.216	0.098	0.076

*From Albert et al. 1973, given as gene frequencies.

**From Vives et al. 1975, given as gene frequencies.

***From the results of the Histocompatibility Workshop 1977 held in Oxford, England in September 1977, given as gene frequencies.

Capítulo 4. INMEGEN y ‘*The mexican genome*’

En el año 2000, seguidos por la fiebre de la reconstrucción y publicación del genoma humano a nivel internacional, se crearon redes entre instituciones de investigación para la creación de una plataforma nacional para medicina genómica con *‘la misión de contribuir al cuidado de la salud de los mexicanos mediante el desarrollo de investigación científica de excelencia y recursos humanos de alto nivel, que conduzcan a la aplicación médica del conocimiento genómico a través de una cultura innovadora, una tecnología de vanguardia y alianzas estratégicas, con apego a principios éticos universales’* (Jiménez- Sánchez, 2002; Jiménez-Sánchez, Silva-Solezzi, March, y Hidalgo-Miranda, 2004).

El 22 de noviembre de 2001 se considera la fecha formal de inicio de una colaboración institucional entre al menos 60 investigadores para construir lo que hoy se conoce como el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), un Instituto Nacional de Salud dependiente de la Secretaría de Salud del Estado Mexicano (Jiménez- Sánchez, 2002).

El Congreso de la Unión aprobó en 2004 la creación del INMEGEN, cuyo proyecto inicial sería el de *‘Estructura Genómica y Mapa de Haplotipos de la Población Mexicana’*. Este proyecto tendría como objetivo *generar la información genómica de la población mexicana y apoyar la investigación médica consecuente* (Hidalgo Miranda et al., 2006).

El plan inicial de desarrollo del INMEGEN incluía proyectos colaborativos con la industria, programas de entrenamiento en medicina genómica, prueba y validación de fármacos para la población mexicana mediante pruebas clínicas, y estudios de asociación (Jiménez- Sánchez, 2002). Los estudios de asociación estarían enfocados a la identificación de haplotipos en la ‘población mexicana’ y su asociación con cuadros clínicos particulares (Jiménez- Sánchez, 2002). Además, consideraban y presentaban como necesario el trabajo de asociación de polimorfismos con respuesta a fármacos en la población mexicana. Lo anterior fue justificado escribiendo que *“México tenía una composición genómica única como resultado de su historia”*, recalcando que *“la vasta mayoría de la población emerge de la mezcla entre españoles e indígenas”* (Jiménez- Sánchez, 2002).

En junio del 2005, el proyecto ‘Estructura Genómica y Mapa de Haplotipos de la Población Mexicana’ comenzó a ejecutarse bajo el financiamiento del propio INMEGEN. El proyecto planteaba reproducir los mismos estamentos del proyecto HapMap con el objetivo de generar la información genómica de la población mexicana y apoyar la investigación médica que resultaría a partir de tal información obtenida: *“Los resultados del proyecto ofrecerán una plataforma para acelerar el descubrimiento de variaciones genómicas asociadas a enfermedades comunes y respuesta a fármacos en la población mexicana. Además, esta información contribuirá al estudio histórico y antropológico de los mexicanos”* (Hidalgo Miranda et al., 2006). De este modo se pretendía cumplir con el plan inicial de desarrollo institucional del INMEGEN que incluía los estudios de

asociación que esperaban arrojaran una relación entre condiciones de salud y pertenencia poblacional.

El proyecto insignia del INMEGEN también alegaba que la información obtenida contribuiría “*al estudio histórico y antropológico de los mexicanos*” (Hidalgo Miranda et al., 2006). La justificación inicial del proyecto hace de nuevo referencia a la narrativa mexicana cuyo pilar de comparación son los pueblos indígenas, añadiendo que al inicio del siglo XXI alrededor del 80% de los habitantes de México se identifican como mestizos con distintos grados de ascendencia indígena con poblaciones europeas y con cierto componente africano. Por ello, el proyecto utilizó muestras de mestizos mexicanos para analizar la diversidad entre ellas.

El proyecto hacía hincapié en el análisis de la estructura genómica de la población mexicana considerando el bloque de haplotipos de los mestizos mexicanos y un grado inicial de la diversidad genómica de dichos mestizos en varias regiones del país (Hidalgo Miranda et al., 2006). El INMEGEN presentó en 2009 el artículo denominado “Análisis de la diversidad genómica en México” (Silva-Zolezzi et al., 2009) donde se bosquejaban de manera inicial los estudios de la composición genética de distintas poblaciones del país, cuyas variaciones pretendían ser explicadas por la realidad histórica y flujos migratorios en la historia nacional. Además, concluían que los datos publicados servirían para generar métodos analíticos más robustos para el estudio de rasgos y enfermedades que presentan diferencia de prevalencia según el origen étnico (Silva-Zolezzi et al., 2009).

La introducción y presencia del 'genoma mexicano' tuvo implicaciones en otros institutos nacionales y líneas de investigación. En el artículo "La variabilidad del genoma del mexicano" (Martínez-Levy et al., 2010), los autores cuestionan la relevancia de los resultados del proyecto del INMEGEN para la investigación en psiquiatría. Se destaca la relevancia de los resultados para el estudio de trastornos complejos en México. Como se ejemplifica en la siguiente cita:

"En países como el nuestro, que tiene una población mayoritariamente **mestiza**, el desafío es contar con una adecuada información de su composición genética. **En este sentido el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) ha dado un paso importante en el intento de conocer la variabilidad genética de distintas poblaciones mestizas que habitan en nuestro país.** Estos datos ofrecen en conjunto una herramienta adicional a los investigadores locales y aun de América Latina interesados en entender la complejidad de los trastornos psiquiátricos".Martínez-Levy et al., 2010 Énfasis propio

En este sentido, se destaca una vez más la importancia de conocer a las poblaciones mestizas, debido a que gran parte de la población mexicana es resultado del mestizaje (Martínez-Levy et al., 2010).

Estas primeras propuestas abordan la existencia de un 'Genoma Mexicano', propuesta por el primer director del INMEGEN Gerardo Jiménez Sánchez (Schwartz-Marín,2011), donde la selección de muestras y presentación de resultados está enmarcada en la racialización y la generación de datos específicos para contribuir a la historia e imaginarios nacionales (Wade, 2018).

La toma de muestras.

Los reclutamientos antropológicos para el muestreo del INMEGEN se planearon como parte de jornadas en varios estados de la república a través de la Jornada Nacional para la Elaboración del Mapa del Genoma del Mexicano (López Beltrán, 2013). Se tomaron dos tipos de muestras: mestizos e indígenas. Inicialmente, los estados participantes fueron: Sonora, Zacatecas, Guerrero, Veracruz y Yucatán (Hidalgo Miranda et al., 2006). Posteriormente, se añadió la participación del estado de Guanajuato (López Beltrán, 2013).

Las muestras para los *mestizos* se tomaron en universidades estatales. Los individuos muestreados tenían una relación académica con las instituciones, y se justificó este diseño debido a que las universidades estatales de las entidades participantes, son “instituciones integradas en su mayoría por población mestiza”, además de que esto permitiría a los participantes “tener acceso y capacidad para entender los alcances del proyecto” (Hidalgo Miranda et al., 2006).

Para los *mestizos* se tomó muestra de aquellos individuos que cumplían con las siguientes características:

- ser mayores de 18 años;
- hombres o mujeres (50% de cada género)
- originarios del estado en cuestión, así como sus padres y abuelos
- no inmigrantes recientes de otros países;
- voluntarios para participar en el proyecto, con previa firma de consentimiento informado.

Para las muestras de personas indígenas se tomó de referencia a una población zapoteca de la sierra norte de Oaxaca. Esto es reportado por López Beltrán (2013), quien relata que para este muestreo se integraron el gobierno estatal y antropólogos, que a pesar de que no fue reportado en el artículo inicial de Hidalgo-Miranda (2006) si fue mencionado en el reporte final de Silva-Zolezzi et al. (2009). En este muestreo, además de los puntos utilizados para individuos mestizos, y siguiendo las narrativas vistas en el capítulo previo, se tomó en cuenta el criterio de clasificación lingüística (López Beltrán, 2013). Este muestreo refleja una vez más la dicotomía mestizo/indígena, con un criterio similar al de la vieja escuela indigenista que ya se observaba en la primera época de la genética poblacional mexicana.

Los criterios de determinación lingüística para poblaciones indígenas buscaban de algún modo “la pureza”, entendida como consecuencia del aislamiento y las diferencias culturales promovidas por la mestizofilia. Así, se buscaba un modo en que se pudiera evitar hablar de cuestiones de mezclas poblacionales, aunque esto no se expresara de manera explícita. Me parece importante señalar que estos criterios atentan contra la libre autodeterminación de los pueblos y reducen a las poblaciones indígenas, sus configuraciones y dinámicas a criterios que se ven afectados por políticas lingüísticas, educativas y sociales del Estado mexicano que han derivado en la extinción de lenguas indígenas, lo cual no necesariamente implica que dichas comunidades pierdan su identidad, puesto que no es una relación determinista (Aguilar-Gil, 2020)

Después de estas investigaciones, también se han presentado trabajos que proponen que la reconstrucción de la estructura poblacional podría ayudar a entender la predisposición a enfermedades como cirrosis hepática (Ramos-Lopez, Martinez-Lopez, Roman, Fierro, y Panduro, 2015). En estos trabajos, se plantea que los polimorfismos genéticos asociados a ciertos grupos *étnicos* funcionan como fondo, y proponen que la formación de la distribución demográfica en México moldeó la arquitectura genética de los grupos nativos, teniendo implicaciones en los procesos biológicos que tales grupos presentan (Romero-Hidalgo et al., 2017).

Estos estudios construyeron resultados que dirigen la causalidad de condiciones médicas como la obesidad, el cáncer de pulmón y de páncreas al “componente indígena”, el cual está determinado de manera arbitraria y se resume a criterios lingüísticos más que identitarios, geográficos o propiamente genéticos. Con estas afirmaciones, se dejan de lado cuestiones de desigualdad estructural y se enfatizan componentes biológicos en una suerte de determinismo genético.

Capítulo 5. La esencialización de las poblaciones.

En esta sección, exploraremos el arco discursivo y el uso de términos más recientes en los estudios de genética poblacional en México, enfocándonos en el uso de la etiqueta '*Native Mexican*' y su contexto de uso. Además, se explorará si existe algún cambio metodológico al seleccionar las muestras que lo distingua de los términos 'indian' e 'indigenous'.

Ernesto Schwartz-Marín escribe que la narrativa sobre la construcción de la nación mexicana está basada en la mixtura racial y el mestizaje y desde allí se presupone la existencia de un genoma mexicano único (Schwartz-Marín, 2011). Esta idea queda de manifiesto en las siguientes palabras del primer director del INMEGEN, Gerardo Jiménez Sánchez: "*México tiene una población con una composición genómica única como resultado de su historia*" (Jiménez- Sánchez, 2002). Declaraciones como la anterior se podrían interpretar como una existencia de un componente esencial en el genoma mexicano, el cuál le confiere propiedades que permitan su equiparación al concepto de 'identidad mexicana'. Esto es consistente con la observación de cómo los Estados nacionales jerarquizan un conjunto de rasgos simplificado de elementos que moldean y las narrativas identitarias de las personas, en muchos casos de manera implícita o inconsciente, y que en el caso del genoma humano además promueve la presencia biológica de un "rasgo mexicano" socialmente inexistente hace 300

años, (Aguilar Gil, 2017). Para este caso particular, el proceso fue denominado *mextizaje* por Schwartz-Marín.

En el artículo “*Ethnicity and lipoprotein(a) polymorphism in Native Mexican populations*” (Cardoso-Saldaña et al., 2006), el cual reporta la búsqueda de diferencias interétnicas en la concentración de Lipoproteína A (Lp(a)), se presenta el término ‘*Native Mexican*’ haciendo referencia a la distribución de polimorfismos de lipoproteína a Lp(a):

“*The purpose of our study was therefore to define this genetic marker in terms of Lp(a) concentration, apo(a) kringle number and binding of Lp(a) to fibrin in selected **Native Mexican** populations. These data were compared to those of the prevalent Mestizo population. Our results indicate that the **Mestizos** can be distinguished from by higher Lp(a) concentration and a less skewed distribution*”. (Cardoso-Saldaña et al., 2006) Énfasis propio.

En este fragmento del artículo obtenido de la sección introductoria, el término ‘*Native Mexican*’ es utilizado para presentar a las poblaciones de las que se obtuvieron los datos, las cuales fueron clasificadas dentro del texto como “grupos étnicos”. Entre esas poblaciones se incluyen la mayo, la maya y la mazahua. Los criterios para definir a los ‘*Native Mexicans*’ no se describen explícitamente y se señala que su caracterización lingüística, histórica y geográfica fue realizada por el Instituto Nacional de Antropología e Historia (Cardoso-Saldaña et al., 2006). A la población mestiza la describen como la mezcla de nativos mexicanos y españoles (Cardoso-Saldaña et al., 2006).

El uso del término ‘*native mexican*’ relacionado con genética poblacional y cuestiones antropológicas está también presente en el trabajo de

Sandoval-Mendoza (Sandoval et al., 2009; Sandoval Mendoza, 2010). En estos trabajos se utiliza un enfoque antropomolecular, relacionando cuestiones de etnicidad, lingüística y análisis de ADN mitocondrial (mtDNA). La siguiente cita de Sandoval et al. (2009) ejemplifica el uso del término '*Native Mexican*':

*“AMOVA was performed in order to define the population structure of **Mexican indigenous populations** according to geographic and linguistic criteria (Table 3).*

*When all **Mexican populations** were considered as a single group, 19.23% ($p < 0.01$) of the genetic variance was found between populations, showing a relevant genetic heterogeneity among **Native Mexican populations**”.*(Sandoval et al., 2009) Énfasis propio.

Los párrafos anteriores muestran que el término '*Native Mexican*' se utiliza como un identificador sinónimo de '*Mexican indigenous*'. Ambas etiquetas se utilizan para referirse a la estructura poblacional de los grupos indígenas estudiados. Es relevante señalar que el calificativo 'mexican' está presente al hablar de poblaciones indígenas circunscritas al territorio nacional, reproduciendo el discurso de pertenencia de los pueblos originarios al Estado mexicano. No obstante, huelga decir que dos de las poblaciones analizadas fueron la Pima y la Maya (Sandoval et al., 2009), cuyos límites trascienden las fronteras de México.

En la tesis doctoral "*Ethnicity, Linguistics, and Genetic Diversity in Native Mexicans: Reconstructing the Population History of Mesoamerica*" (Sandoval Mendoza, 2010) el término '*Native Mexican*' aparece en las siguientes secciones y contextos:

- En la sección 4 de la Introducción, "*Native Mexican Populations*". En esta sección, el término tiene como contexto un enfoque antropológico en el que

se hacen descripciones geográficas, lingüísticas y genéticas de las poblaciones estudiadas. Se habla de cuestiones culturales explicadas por trasfondos históricos. En el apartado de diversidad genética (4.3) aparece el término '*Mexican Indian*', utilizado en el mismo contexto descriptivo que '*Native Mexican*'

- En los siguientes capítulos que conforman los Resultados: Capítulo 2: *Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans*; Capítulo 3: *Paternal lineages in Native Mexicans show a sex-biased admixture and lack of genetic structure in Mesoamerica*; Capítulo 4: *Origin and Genetic Differentiation of Three Mexican Native Groups (Purépechas, Triquis and Mayas): Contribution of CODIS-STRs to the History of Human Populations of Mesoamerica*. En estos capítulos el término '*Native Mexican*' se utiliza dentro de la descripción de poblaciones, en algunos casos como identificador sinónimo de '*Mexican Indigenous*'².
- En las tablas de resultados el término utilizado como identificador son '*amerindian*' y '*native american*'. Las tablas 5.1 y 5.2 al final de este capítulo ejemplifican el uso de los términos
- En el capítulo 3, el término '*Native Mexican*' se utiliza como una etiqueta descriptiva de las poblaciones analizadas en diferentes contextos: análisis genético, descripción lingüística y geográfica. En este capítulo también destaca la referencia a un genoma etno-específico relacionado a estas poblaciones como se ejemplifica en la siguiente cita:

² El capítulo 2 de la tesis doctoral está compuesto por el artículo con el mismo nombre de Sandoval et al.,(2009)

*“Overall, our results offer a detailed picture of the male-specific genetic composition of a dense panel of **Native Mexican** populations and show the importance of complementing different approaches for comprehensively reconstructing the demographic history of human populations, especially from the Americas where the genetic make up of native populations can be additionally complex due to recent admixture. Further studies at larger, genome-wide, scales are necessary in order to extend such characterization to other regions of the **Native Mexican genome.**”*

(Sandoval Mendoza, 2010) Énfasis propio.

En este fragmento se hace referencia a la existencia de un “genoma nativo mexicano”, el cual asumen incompleto pues mencionan la necesidad de extender la caracterización de otras regiones del mismo al incorporar otras poblaciones indígenas. Vale la pena mencionar que estas poblaciones fueron delimitadas en términos lingüísticos (hablantes nativos) y familiares (ausencia de migración reciente - dos generaciones) (Sandoval et al., 2009).

El término ‘*Native Mexican*’ comienza a aparecer como un sustituto del término ‘*Indian*’ o ‘Indígena’ en trabajos de genómica poblacional y la presentación de subestructuras relacionadas con ancestría ‘Nativo-Americana’ o ‘*First-American*’ (Reich et al., 2012). El término ‘*Native American*’ se ha relacionado con la investigación genética y antropológica mediante dos líneas: el uso de la etiqueta en estudios de ADN antiguo (aDNA) y el uso de la etiqueta en pruebas de ascendencia genética englobando a las poblaciones de Norte, Centro y Sudamérica (Bardill, 2014). Este término surgió y fue utilizado inicialmente en dos proyectos: Human Genome Diversity Project (HGDP) y Genographic Project

(GP). Ambos proyectos fueron ampliamente criticados por sus tendencias colonialistas y esencialistas (Bardill, 2014).

El uso del término '*Native American*' ha sido construido con base en lo que las y los científicos ven y aplican al analizar los restos de aDNA y las muestras basándose en diferencias raciales (Bardill, 2014). Este término también es ambiguo si consideramos que es una etiqueta de reconocimiento político para poblaciones que habitan los Estados Unidos desde épocas previas a la llegada de los europeos (Bardill, 2014). La importación del término a otras geografías como México, adaptándola como '*Native Mexican*' implica analizar los orígenes y generar las discusiones pertinentes al uso de un término que en su propio contexto es problemático y cuyas realidades históricas, culturales y geográficas no se comparten con este territorio.

La existencia de genomas únicos y específicos es un tema de relevancia en la genética poblacional mexicana como discutí previamente con el caso del INMEGEN, y entre los problemas de esta práctica se encuentra el reducir a poblaciones complejas a un puñado de criterios arbitrarios que devienen en términos y abstracciones genéticas esencialistas, como lo ilustra el fragmento de Sandoval et al (2009).

Moreno-Estrada et al. utilizan el término '*Native Mexican*' en la introducción del artículo '*Human genetics. The genetics of Mexico recapitulates Native American substructure and affects biomedical traits*' (2014), como un identificador para aquellos individuos pertenecientes a grupos indígenas de los que se tomaron

muestras. La siguiente cita es un fragmento de los primeros párrafos de dicho artículo:

*“Previous estimates of **Native Mexican** genetic diversity examined single loci or were limited to a reduced number of populations or small sample sizes (5–8). We examined local patterns of variation from nearly one million genome-wide autosomal SNPs for 511 **Native Mexican** individuals from 20 indigenous groups, covering most geographic regions across Mexico (Table S1). Standard principal component analysis (PCA) summarizes the major axes of genetic variation in the dataset (see (9)). While PC1 and PC2 separate Africans and Europeans from **Native Mexicans**, PC3 differentiates indigenous populations within Mexico, following a clear northwest-southeast cline (Fig. 1A)”.* (Moreno-Estrada et al., 2014)
- Énfasis propio.

En este fragmento se muestra la equiparación de ‘*Native Mexican*’ como perteneciente a un grupo indígena de donde se tomaron las muestras. Al mismo tiempo, se hace referencia a dos artículos (5 y 7 en Moreno-Estrada et al, 2014) sobre diversidad genética, donde en uno no se utiliza ese término, sino que se utiliza el término ‘*Indian*’ (Lisker et al., 1996) mientras que el otro sólo utiliza ‘*Native Mexican*’ una sola vez en la Introducción y posteriormente sólo se refiere a dichas poblaciones usando la etiqueta de ‘*Native American*’ (Gorostiza et al., 2012)

Otro artículo donde el término ‘*Native Mexican*’ se ve presente es el de Romero-Hidalgo et al., (2017) donde se encuentra presente tres veces: en el título, la sección de métodos y la sección de resultados. En esta última se presenta la siguiente cita:

*“In order to seek further evidence of the enrichment in muscle and collagen-related pathways found in **Tarahumaras**, we sequenced the exome of three more individuals from this group, known to have participated in high resistance physical activity events. These individuals showed significant gene enrichment in muscle-related pathways, in consistency with the two initially sequenced **Tarahumaras** (Fig. 4). While these findings could be related with the well-known high physical resistance of this **Native Mexican** group^{50, 51}, they should be interpreted with caution. Further research including a larger sample size and phenotypic data should be performed to establish any possible relationship between gene enrichment and physical resistance in the **Tarahumara** population”.* (Romero-Hidalgo et al,2017)
Énfasis Propio

En este caso el término ‘*Native Mexican*’ hace referencia al grupo Tarahumara³, uno de los pueblos originarios de México, lo que ilustra una equivalencia más entre *Native Mexican* e indígena.

En este artículo, también se destaca el uso equivalente entre ‘*Native American*’ y ‘*Native Mexican*’ a lo largo del texto, como puede verse en la siguiente cita de la sección ‘*Sampling and procedure*’ :

*“Sampling locations are described in Fig. 1. A total of 15 genomes (12 **NAs** from Tarahumara, Tepehuano, Nahuatl, Totonaca, Zapoteca, and Maya groups, and a trio of Mexican **Mestizos**) were submitted to WGS by Complete Genomics (Mountain View, California, USA)”.* (Romero-Hidalgo et al,2017) Énfasis propio.

Las siglas **NA** hacen referencia al término ‘*Native American*’ y se señala que los genomas de grupos tarahumaras, tepehuanos, nahuatl, totonacas, zapoteca y mayas corresponden a un genoma “nativo americano”.

³ La denominación correcta del grupo Tarahumara es rarámuri, se ha optado por dejar este término debido a la fidelidad de la fuente.

Me parece importante señalar que este artículo forma parte de las publicaciones realizadas por el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN), quienes en artículos previos sobre el tema utilizaban el término indigenous (Larrieta-Carrasco et al., 2014; Silva-Zolezzi et al., 2009).

El uso del término 'Native Mexican' también está presente en la tesis de posgrado de Juan Esteban Rodríguez Rodríguez titulada "Reconstrucción del mestizaje y dinámicas de migración del México Poscolombino" (Rodríguez Rodríguez, 2019). Como refleja el siguiente fragmento:

*"Nahua people are the most numerous **Native Mexican** group due to historical reasons. This ethnic group, as well as other **Central Native** groups, contributed to most admixed Mexicans. A deep sampling of **Central Native** groups, including various Nahua populations, will uncover the specific origin of the **Native component** across Mexican states."*
(Rodríguez Rodríguez, 2019)- Énfasis Propio

En este caso, el uso del término '*Native Mexican*' además de ser utilizado como una etiqueta para el análisis poblacional, se presenta como una etiqueta que busca reflejar el marco histórico que contextualiza la investigación. Es importante señalar que las poblaciones nahuas, como otras poblaciones, ya existían de manera previa a la conformación de lo que hoy llamamos México, lo cual demerita el uso de la etiqueta como contextualizador histórico al conferirle el calificativo anacrónico de ser una población "mexicana".

Cabe destacar, que este modelo de interpretación no es gratuito, y se corresponde con los últimos avances y propuestas surgidas en otras latitudes desde comunidades y naciones indígenas, sobre todo en Estados Unidos y Canadá ("Native Americans"). El problema de estos enunciados en la investigación

hecha con poblaciones del territorio mexicano es que las políticas identitarias en estos países son completamente distintas a la realidad en este Estado-Nación y la importación de estas etiquetas específicas debe ser analizada cuidadosamente.

Esta aclaración resulta necesaria porque como señalan Lewis et al. (2022), cuando se utilizan categorías continentales o geográficas definidas para definir la ascendencia en genética poblacional, se supone erróneamente que existe un punto específico en el tiempo en que los grupos humanos se dividieron en grupos totalmente homogéneos a causa de las barreras geográficas, causando una interpretación simplificada de la historia humana. Esto queda de manifiesto también en otros trabajos que califican a poblaciones indígenas como mexicanas cuando éstas pueden trascender las fronteras de lo que hoy ocupa el Estado mexicano, como los casos de las poblaciones Pima y la Maya que se mencionaron con anterioridad.

Existe un claro uso dicotómico de categorías derivadas de la construcción de la identidad nacional. El arco discursivo en la investigación de genética y genómica poblacional en México se erige a través de las comparaciones entre 'el mestizo', como eje de referencia y una categoría opuesta, nombrada desde la otredad y que se ha ido modificando en terminología: *indian*, *indigenous* y de manera reciente *native mexican*.

Estas categorías encuentran sus raíces en el aparato discursivo de la mestizofilia que funge como noción fundacional de la nación mexicana, como puede verse en el capítulo uno, y a su vez, reproduce concepciones culturales y sociales aplicadas a concepciones biológicas.

El caso “*Native Mexican*” es además un caso que ilustra y resalta el problema de la “pureza” y su búsqueda en investigaciones de genética poblacional en México. La pureza se aborda como eje central en los estudios al tener criterios de muestreo como el lingüístico o el de residencia estable en al menos dos generaciones.

En estas investigaciones se retomaron criterios de ‘pureza’ y aislamiento geográfico-lingüístico, las cuales corresponden a tendencias antropológicas e indigenistas, que fueron adoptadas en las investigaciones científicas relacionadas con la búsqueda y comprensión de variaciones genéticas. El tema de la pureza es pernicioso y contribuye a tendencias reduccionistas que enmarcan a los pueblos en entes estáticos y no dinámicos.

Es importante considerar que los resultados de los análisis de ascendencia tendrán diferencias importantes dependiendo del muestreo. Si se asume la categoría geográfica continental como una variante discreta y se considera sólo como candidatos a los participantes del muestreo con abuelos y padres habitando la misma localización, los resultados presentarán bloques poblacionales homogéneos altamente concordantes con la distribución geográfica acorde a la muestra y a las dos generaciones a la que se limitó ésta (Lewis et al., 2022). En contraste con esta categorización, Lewis et al (2022) presentan el artículo de Belbin et al. (2021) para ejemplificar lo que ocurre cuando se toman muestras aleatorias en una ciudad, en este caso Nueva York. Los resultados reflejan una variación continua más adecuada a la historia de migración humana y es posible

acceder a datos de ancestría que no pueden verse si se utilizan solamente etiquetas poblacionales preexistentes (Belbin et al., 2021).

Lo anterior ilustra lo que sucede con la cuestión de la pureza. Intentar limitar los muestreos de esta manera permite que haya una correlación entre los grupos muestreados y los bloques de ascendencia, que usualmente toman etiquetas continentales o nacionales con fines políticos (Lewis et al., 2022). En el caso de México, las etiquetas poblacionales y nacionales se reflejan en el uso completamente arbitrario de categorías: Indian - *indigenous* - *Native Mexican* contra la etiqueta de mestizo - mexicano y la etiqueta de Europeo, sin considerar que puede existir más de un punto geográfico e histórico donde ocurre la división. Un ejemplo del uso arbitrario de éstas y otras etiquetas poblacionales lo observamos en la inconsistencia en el uso de categorías que se consideran externas y se presentan para comparar los grupos existentes. Por un lado, el trabajo de Gorodezky et al. (1979) presenta a la población japonesa como representativa de la “población” mongoloide, mientras que Moreno-Estrada et al. (2014) presenta a las poblaciones Yoruba como un identificador externo de las poblaciones de África Occidental y que se encuentra en los gráficos de PCA solo para dar lugar a la comparación con las poblaciones indígenas que habitan en México. Esto responde a las narrativas políticas del tiempo en que dichas investigaciones se efectuaron, en dónde las “dos raíces” de la población mestiza son la americana y la europea. No es hasta últimas fechas en que se ha comenzado a incorporar de manera más comprensiva a las poblaciones afrodescendientes de México como en el trabajo de María C. Ávila-Arcos

(Ávila-Arcos, n.d.) (a pesar de la mención que hizo Lisker de ellas en los 60s y también las migraciones de poblaciones de distinta partes de Asia (Rodríguez Rodríguez, 2019; Sohail et al., 2022). Estos ejemplos previamente mencionados ilustran cómo las limitaciones en la comprensión de las estructuras poblacionales que surgen en el imaginario local de un país en un momento determinado pueden derivar en un muestreo limitante que promueva el uso de categorías arbitrarias y contingentes a nivel biológico, lo que puede devenir en la asociación de ciertos elementos biológicos (socialmente definidos) con cuestiones identitarias de poblaciones específicas, en una tendencia de esencialismo.

El esencialismo biológico se entiende como la tendencia a inferir que las características físicas, psicológicas o conductuales de una persona o un grupo de personas están condicionadas por su constitución biológica, conformando de esta manera la esencia de dichos individuos o grupos. El esencialismo genético, de manera particular, aboga por describir la esencia o identidad de los grupos o individuos como si fueran la suma de nuestros genes (Dar-Nimrod y Heine, 2011). Además, reduce al individuo a una entidad molecular, equiparado a los seres humanos en sus aspectos sociales, históricos y morales con sus genes (Dar-Nimrod y Heine, 2011).

El esencialismo genético es una tendencia que puede ser encontrada en los primeros estudios de la raza. En estos estudios se liga directamente a conexiones sociales en el presente, o en la presentación de diferencias entre grupos poblacionales y su constitución genética, clasificando y relacionando poblaciones con comportamientos o territorios específicos (Brodwin, 2002; Scully, Brown, y

King, 2016). Estas asociaciones se dieron precisamente en el contexto previo a la Segunda Guerra Mundial (Wade et al., 2014).

Lisker y Armendares criticaron la tendencia esencialista con la que algunos grupos trabajaban el concepto de raza en concordancia con la tendencia a alejarse de la eugenesia de inicios del siglo XX. En 'Introducción a la genética médica', Lisker y Armendares mencionan a la 'raza' como un concepto biológico fundamentado en la herencia, y determinado genéticamente que puede cambiar con el tiempo (como también lo mencionaba Dobzhansky), separado de estereotipos fenotípicos. Además señalan la frecuente confusión de raza con los conceptos de idioma, cultura y nacionalidad, tres conceptos que no se determinan genéticamente (Lisker, Dehesa, y González, 2000).

No obstante, y a pesar de contraponerse teóricamente a la visión esencialista de la raza, es posible encontrar la asociación esencialista aplicada a la población, tomando como punto de partida la pureza en los grupos poblacionales estudiados. No existe tal cosa como genes o genomas indígenas/indios, nativos mexicanos o mestizos. Mantener vigente este esencialismo en los estudios presenta serias tendencias racialistas, aunque de manera inconsciente. Como señala Emma Kowal (2019), al hablar de este tipo de discursos, los genomas de referencia étnico-específicos son racializados desde el momento que se asume que dirigir la investigación genómica a ciertas poblaciones humanas tiene mayor significancia que mapear las variaciones. Estas tendencias racialistas y esencialistas de los estudios que toman en cuenta las etiquetas geográficas como categorías discretas no generan racismo directamente, pero si

ya existen tendencias a la discriminación, marginalización e invisibilización, estas prácticas sí pueden acentuar y acumularse en una dirección favorable para el racismo.

Tabla 5.1 Datos de 36 poblaciones nativoamericanas utilizadas como referencia para comparar a poblaciones mexicanas (Sandoval Mendoza, 2010).

Sub-continental region	Population	Code	Linguistic Family ^a	n	Reference
North-America					
	Aleut	Au	Eskimo-Aleut	53	Zlojutro M et al. (2009)
	Choctaw	CO	Muskogean	10	Bolnick AD et al. (2006)
	Creek	CR	Muskogean	9	Bolnick AD et al. (2006)
	Minnesota Chippewa	MC	Algonkian	9	Bolnick AD et al. (2006)
	Oklahoma Red Cross-Cherokee	OC	Iroquoian	16	Bolnick AD et al. (2006)
	Stillwell Cherokee	SC	Iroquoian	13	Bolnick AD et al. (2006)
	Sisseton Wahpeton-Sioux	SI	Siouan	20	Bolnick AD et al. (2006)
	Apache	Ap	Na-Dene, Athapaskan	89	Zegura S et al. (2004)
	Navajo	Na	Na-Dene, Athapaskan	71	Zegura S et al. (2004)
	Dogrib	Do	Na-Dene, Athapaskan	9	Malhi RS et al. (2008)
	Tanana	Ta	Na-Dene, Athapaskan	10	Zegura S et al. (2004)
	Seri	Se	Serian	12	Malhi RS et al. (2008)
	San Carlos Apache	SA	Na-Dene, Athapaskan	21	Malhi R et al (2008)
	Huasteco	Hu	Mayan	38	Barrot C et al. (2007)
	Otomies del Valle	Ov	Otomanguean	25	Barrot C et al. (2007)
	Otomies de la Sierra	Os	Otomanguean	26	Barrot C et al. (2007)
	Triqui	T	Otomanguean	22	This study
	Tarahumara	R	YutoAztecan	13	This study
	Nahua Xochimilco and San Pedro	NX_SP	YutoAztecan	21	This study
	Nahua Zitlala	NZ	YutoAztecan	21	This study
	Nahua Santo Domingo	SD	YutoAztecan	15	This study
	Maya	MY	Mayan	14	This study
	Pima	PM	YutoAztecan	49	This study
Central-America					
	Ngobe	NG	Chibchan	30	Ascune MA et al. (2008)
	Kuna	KU	Chibchan	18	Ascune MA et al. (2008)
	Emera	Em	Choco	17	Ascune MA et al. (2008)
	Wounan	Wo	Choco	14	Ascune MA et al. (2008)
South-America					
	Yanomami	YSV	Yanomam	10	Roewer L 1993 ^b
	Kichwa	K	Quechuan	79	González AF et al (2007)
	Waorani	WA	Waorani	35	González AF et al (2009)
	Kaingang and Guarani	KG	Tupian	27	Leite F et al (2008)
	Bari	BV	Chibchan	16	Pardo T & Borjas L ^b
	Beni	BB	Arawakan	34	Arroyo E et al. ^b
	Yanomami	YB	Yanomam	10	Kayser M et al. ^b
	Toba	To	Guaicurian	27	Toscanini U et al (2008)
	Quechua	Q	Quechuan	8	This study

^a Linguistic classification based on Mithun and Marianne (1999)

^b Haplotype data obtained from the data base <http://www.yhrd.org/>

Tabla 5.2 Tests AMOVA y SAMOVA en poblaciones mexicanas basados en 9 CoDi-STRs (Sandoval-Mendoza,2010)

MEXICAN POPULATIONS	N° Pop	N° Groups	Into populations F_{IT} (%)	Inter populations F_{ST} (%)	
Mestizos	8	1	99.27; <i>p</i> = 0.04203	F _{ST} = 0.26%; <i>p</i> = 0.0000	
Amerindians	10	1	98.83; <i>p</i> = 0.02542	F _{ST} = 1.25%; <i>p</i> = 0.0000	
MESTIZO/AMERINDIANS			Into populations F_{IT} (%)	Among groups F_{CT} (%)	Populations into Groups F_{SC} (%)
Mestizos vs. Amerindians	18	2	98.72; <i>p</i> = 0.0000	0.38; <i>p</i> = 0.0000	0.61; <i>p</i> = 0.0000
AMERINDIANS GROUPED					
Linguistic Group classification ^a	10	3	98.77; <i>p</i> = 0.0332	0.20; <i>p</i> = 0.0449	1.10; <i>p</i> = 0.0000
Linguistic Trunk classification ^a	10	5	98.71; <i>p</i> = 0.0273	0.62; <i>p</i> = 0.0000	0.74; <i>p</i> = 0.0000
Linguistic Family classification ^a	10	6	98.76; <i>p</i> = 0.0263	0.56; <i>p</i> = 0.0048	0.75; <i>p</i> = 0.0000
Geographic location ^b	10	5	98.74; <i>p</i> = 0.0293	0.63; <i>p</i> = 0.0000	0.71; <i>p</i> = 0.0000
Geographic location ^c	10	4	98.69; <i>p</i> = 0.0273	0.68; <i>p</i> = 0.0000	0.70; <i>p</i> = 0.0000

- a. See linguistic classification criteria in Figure 2
b. May, Chol vs. Hua vs. PurM, PurV, PurL vs. Tri vs. Tep, OtoS, OtoV.
c. May, Chol, Hua vs. PurM, PurV, PurL vs. Tri vs. Tep, OtoS, OtoV.

Capítulo 6. La invisibilización

Algunos estudios históricos y sociales de la genética y genómica poblacional han sido enfocados de manera particular en la noción y discusión del término raza (Wade et al., 2014). Este eje de análisis está enmarcado en una relación profunda del término raza con la emergencia histórica generada en el primer bloque temporal del siglo XX que culminó con la Segunda Guerra Mundial (Wade et al., 2014).

La importancia central de estos estudios era sustituir el término para comenzar a generar avances contra la racialización y así posicionarse en contra de los discursos racistas. No obstante, aún hoy en día no podemos asegurar que el problema del racismo científico haya sido resuelto, como ha sido posible ver a partir de análisis históricos y sociales de distintos proyectos de genotipificación a lo largo de las últimas tres décadas, como bien lo han apuntado autores como Bolnick et al. (2016), López-Beltrán y Garcia-Deister (2013), López Beltrán (2011) Reardon y TallBear, (2012) y Wade (2017). Particularmente, Reardon y Tallbear (2012) señalan la propuesta colonial y las implicaciones de trabajos como el Human Genome Diversity Project (HGDP) y el Genographic Project (GP).

El Human Genome Diversity Project fue propuesto como un ambicioso proyecto cuyos objetivos eran: coleccionar, preservar, manejar y estudiar una muestra mundial sobre la variación genética humana (Cavalli-Sforza, Wilson, Cantor, Cook-Deegan, y King, 1991). Las muestras serían obtenidas de grupos con aislamiento biológico y geográfico e integridad lingüística. El llamado del HGDP,

enfocado a trabajar primordialmente con grupos indígenas, aborígenes, poblaciones insulares, etc., clamaba por buscar en estos grupos y poblaciones las respuestas a cuestiones evolutivas, patrones relacionados a enfermedades y marcadores biomédicos, pero también un llamado a preservar “nuestra historia” (Barker,2004). Por su parte, el GP que dejaba de lado el eje médico y se dirigía a la construcción histórica y el análisis de cambios antropológicos a nivel global usando a la genética como herramienta. El GP surgió en 2005 y al masificarse sugirió a la población su participación individual mediante la compra y envío de paquetes para obtención de muestras para entender procesos migratorios (Behar et al., 2007). El GP, igual que el HGDP, hacía un llamado a preservar nuestra historia antes de que desapareciera. Su existencia como proyecto trajo a discusión problemas éticos y legales sobre propiedad intelectual, herencia cultural de las naciones indígenas. El GP contaba con un marco ético que prometía abordar preocupaciones sobre la pertenencia de los datos, confidencialidad y consentimiento de las y los participantes. Las preocupaciones expuestas sobre el trabajo con comunidades indígenas se vieron reflejadas en una propuesta de consentimiento informado y reciprocidad en la investigación (Rogers 2020)

A pesar de estas promesas, en 2006 el Consejo de Personas Indígenas sobre Biocolonialismo condenó el proyecto argumentando la persistencia de valores eugenésicos que exponen a las y los indígenas que históricamente han sido marginadas y subordinadas (Darling, 2008). En mayo de ese mismo año, el Foro Permanente sobre Cuestiones Indígenas de las Naciones Unidas emitió una recomendación de suspensión del proyecto pues no garantizaba un

consentimiento previo, libre e informado en los lugares donde estaban planeadas las actividades (Darling, 2008).

En “*The invisible technician*”, Steven Shapin (1989) resalta la tendencia a ver a la ciencia como una serie de momentos cumbre para los individuos más que como una suma de trabajo colectivo extendido y persistente. Según Shapin, esta tendencia, sumada a la dicotomía maestro-subordinado, constituye una parte fundamental para la invisibilidad y la falta de identidad a otros actores que no sean la figura científica principal del trabajo científico. Shapin propone el concepto de invisibilidad como una manera de nombrar la forma en que se resta créditos y representación a quienes participan del proceso científico.

La invisibilidad también es un término presente en el trabajo de Roger Sanjek (1993) quien habla de la metodología colonial de la antropología y una distinción marcada entre académicos, etnógrafos, sus asistentes e informantes. Esta distinción se observa como parte de una jerarquía establecida en diferentes espacios geográficos durante el desarrollo de las ciencias antropológicas, que aunque parecen diferentes entre sí por la complejidad de sus relaciones, comparten una estructura común: una relación de poder marcada por el silenciamiento de ciertas voces y la falta de reconocimiento (Sanjek, 1993).

Los trabajos de Sanjek y Shapin además de abordar el concepto de invisibilidad establecen la existencia de una relación de poder mediada por el colonialismo o por otras estructuras. La presencia de las etiquetas ‘*Native Mexican*’ forman parte de este problema al momento de invisibilizar, pues se reducen las poblaciones a categorías. Al describir de esta manera a las

poblaciones en estudio, se reproducen de nueva cuenta las dinámicas de poder basadas en el nacionalismo. Las personas y participantes que se autoadscriben a alguna de las naciones usadas en el estudio quedan reducidas a 'nativos mexicanos' aún cuando la nacionalidad mexicana es socialmente inexistente en algunas personas o naciones, y accidental en otras, como se ilustra en el testimonio de Yásnaya Aguilar Gil: «Parafraseando al periodista mapuche Pedro Cayuqueo, declaro que “soy mixe pero tengo pasaporte mexicano por un lamentable y trágico accidente histórico que a veces preferiría no recordar”» (Aguilar Gil, 2017).

Reducir a los pueblos y naciones indígenas a criterios como su lengua o la falta de migración implica separarlos de las realidades sociales en las que viven, muchas de las cuales implican migraciones y desplazamiento. Apuntar a la pureza a través de la lengua también omite las desigualdades estructurales que han borrado a la mayoría de las lenguas distintas al español habladas en el territorio que hoy conocemos como México.

La investigación en genética y genómica poblacional pretendió adquirir un nuevo arco discursivo: el de contar historias. Particularmente, la historia de nuestra especie. Por ejemplo, en 2007 el genetista Spencer Wells, promotor y figura pública del GP, publicó el libro “Genographic Project : la búsqueda del ADN primigenio para descifrar nuestro origen más remoto”, en donde se pretende reconstruir la historia de la humanidad y resolver los “misterios”, los orígenes humanos a partir de las muestras genéticas de poblaciones humanas (Wells, 2007). No obstante, este arco discursivo -que podríamos denominar 'narrativo'-

sigue enraizado en función del conocimiento occidental (Reardon y TallBear, 2012).

Si bien esta relación con el conocimiento occidental no está dirigida a jerarquizar a las poblaciones, sí asume que la investigación debe hacerse en términos de apertura a la información en beneficio a la humanidad. Esta apertura implicaría que el material genético de las personas y pueblos indígenas representa parte del pasado de otras poblaciones y que la humanidad debe tener garantizado el acceso al ADN como un derecho. En el caso mexicano, asumir esta postura implica que para una investigación genética exhaustiva sería necesario acceder al material genético de los pueblos indígenas continuamente para explicar las migraciones, la constitución propia del mestizo y de los habitantes actuales del territorio nacional. En este sentido, para alimentar el arco narrativo se tendrían que reproducir también lógicas extractivistas.

A pesar de que la ciencia genética y genómica se plantea como antirracista, neutral y objetiva, pretendiendo superar las visiones clásicas de la raza de principios del siglo XX, sigue presentando supuestos racistas al imponer criterios externos (generalmente de las y los científicos) para validar la identidad de las personas participantes. Los criterios externos de falta de desplazamiento o agrupación lingüística impactan directamente en quienes pueden pertenecer o no a un pueblo originario, dejando de lado la subjetividad de aquellos que pertenecen a una población cuyas historias de desplazamiento o lengua no les permiten formar parte según la etiqueta y sus criterios.

Así es como el uso de estas etiquetas pone de manifiesto la reproducción de una relación colonial y extractivista desde el momento en que se determinan los sitios y protocolos a seguir dentro de la toma de muestras, las líneas de investigación y la presentación de resultados. A su vez, estos resultados tienden a reproducir cuestiones de esencialismo genético cuando asocian directamente las variaciones genéticas de poblaciones específicas con ciertas patologías.

Conclusión

Unos de los retos a los que la investigación en genética y genómica poblacional humana se enfrenta actualmente es la construcción de un nuevo lenguaje o taxonomía que retrate *una realidad* que sea representativa para todos los actores sociales. Este reto es complejo e implica un constante diálogo y ejercicio de reflexión en cuanto a las jerarquías y desigualdades que se asumen en la investigación, y lo que se planea representar en la misma.

Christine Delphy es una socióloga francesa feminista que ha discutido sobre la relación jerárquica entre categorías biológicas y sociales como sexo y género. En su trabajo, ella llama 'paradigma de lo apropiado' a la manera en que se construyen las relaciones entre categorías y taxonomías en el contexto cultural de la construcción del conocimiento. En este paradigma, utilizado originalmente en referencia a dilucidar la relación entre el sexo y el género, se discuten las categorías, sus contenidos y la manera en la que éstos se generan. De acuerdo a este paradigma, la masculinidad y la feminidad son creaciones culturales de una sociedad basada en una jerarquía del género, lo cual implica que lo masculino y femenino está ligado en una relación de complementariedad y oposición, y que la estructura jerárquica determina el contenido de cada una de las categorías (Delphy, 1993). En este sentido, aplicada a la taxonomía indígena/mestizo, el paradigma de lo apropiado definiría las categorías creadas culturalmente en el imaginario de la nación mexicana, cuya estructura jerárquica es la mestizofilia. Consecuentemente, esta construcción cultural ha determinado históricamente la

manera en que se han realizado los estudios con las poblaciones y como los determinantes lingüísticos, sociales y geográficos han sido vertidos a conceptualizaciones de “entidades biológicas” .

Siguiendo la línea argumentativa de Delphy y la extrapolación de su argumento a la categorización de estas estructuras jerárquicas, me parece pertinente señalar que además en estas estructuras se centran los conceptos de propiedad y blanquitud sobre el material genético de los que hablan Reardon y Tallbear (2012). En el contexto del GP, se hablaba de “descifrar nuestro pasado distante” a través de la recolección de ADN de personas especiales (refiriéndose a los pueblos indígenas) para relatar la historia de la humanidad (Wells, 2007). En este esfuerzo, la estructura jerárquica de la raza se ve configurada en la taxonomía occidente/pueblos indígenas. Aquí se asume que los pueblos indígenas son ‘esos otros’. lo opuesto cuyo ADN relata, complementa y construye a occidente, y por tanto desde la ciencia tenemos derecho a estudiarlos.

En el caso del discurso de la genética y genómica poblacional mexicana, estudiar a los pueblos indígenas implicaría conocer las raíces y el pasado de lo que hoy conocemos como México y permitiría al mestizo saber quién es y cuál es su origen. El siguiente fragmento de Moreno-Estrada y Sandoval (2013) lo utilizaré para ilustrar la manera en que se adoptan estas categorías taxonómicas (indígena/mestizo) y se asume una en función de la otra.

*“Estos resultados demuestran que la estructura de la población indígena se ha transferido y conservado **dentro de los componentes ancestrales de la población a la que hoy nos referimos como mestiza, a tal grado que una es el espejo de la otra.** Dicho de otro*

modo, las raíces indígenas de los mexicanos han quedado registradas en nuestro genoma con mucho más detalle de lo que suponíamos. Y es precisamente por esto por lo que creemos que la difusión de este concepto tiene importantes repercusiones sociales, puesto que nos permite hablar, en vez de un origen anónimo, que hasta ahora solemos englobar como "indígena" o "prehispánico", de un origen diferencial (e identificable) de cada individuo mestizo con respecto a sus raíces indígenas. Pero, ¿por qué habría de ser esto algo novedoso?, ¿qué no es obvio decir que nuestro pasado está registrado de alguna manera en nuestros genes? Sí, por definición así es, pero sólo recientemente contamos con las herramientas de laboratorio y computacionales para explorar con mayor detalle nuestra información genética en busca de los linajes que explican nuestro pasado y nos conectan como sociedad. De hecho, la inquietud por conocer la relación entre las poblaciones nativas de América y la población mestiza es una antigua pregunta de investigación en antropología". (Moreno-Estrada y Sandoval, 2013). Énfasis propio

Las líneas resaltadas en el párrafo anterior muestran que en el discurso científico, el estudio de los pueblos indígenas está enraizado en el discurso hegemónico de la mestizofilia, y que a través de la indagación en el ADN de estos pueblos es posible relatar una historia, explicar "nuestro pasado" y conectarnos como sociedad. La identidad del mestizo se construye a partir de la realidad material (el ADN) de los pueblos indígenas, a quienes se les impone una identidad a partir de esta otredad.

La tendencia de la genómica poblacional ha sido intentar encontrar conjuntos de marcadores ancestrales que permitan la categorización de los seres humanos en grupos que permitan su análisis, algo que previo al surgimiento de la genética se llamaba "raza". Lo que Delphy nos permite vislumbrar es que cualquier

intento de categorización genómica será posterior a las categorías sociales (incluyendo la de la raza), por lo que no se puede afirmar que exista ese componente genético de los grupos humanos: la racialización precede a la genética.

También debemos reconocer que el trabajo en investigación genética y genómica poblacional no se reduce a narrar la historia de las comunidades según una perspectiva científica univocista. El univocismo es una herramienta de interpretación que en todas sus formas pretende una objetividad fuerte y rígida, como una correspondencia directa e ingenua del conocimiento con el objeto o el hecho (Beuchot, 2019). Esta rigidez impide la incorporación de otras narrativas, lo que deslegitima las narrativas de los pueblos e incluso se contrapone y atenta contra ellas. Sólo cuando el discurso desarrollado por los científicos coincide con el de las poblaciones y naciones de estudio, se deduce espuriamente que la verosimilitud de este último está dada porque responde a los procesos epistémicos propios del método científico occidental.

Incluso si optamos por investigaciones multidisciplinarias, vale la pena examinar cuáles de estas estructuras jerárquicas estamos reproduciendo y cuáles son los supuestos sobre los que construimos nuestra investigación. Reconocer que se trabaja con poblaciones que históricamente han sido vulneradas y clasificadas biológicamente después de un constructo social es el paso inicial. De este modo, es posible pensar en prácticas distintas, que aboguen por un lenguaje crítico y un abordaje ético. Siguiendo a Delphy, *“Las prácticas producen valores; otras prácticas producen otros valores”* (Delphy, 1993).

Reconocer a las personas que proveen las muestras como sujetos que forman parte de los estudios y no como objetos implica también reconocer las prácticas extractivistas que históricamente se han dado y que han ayudado a la invisibilización de la que se habló previamente.

Así, el problema de la invisibilidad va de la mano con la urgencia de una ciencia plural, cuya forma de producción del conocimiento sea capaz de incorporar diferentes subjetividades y producir aquellos *otros valores*. Esta propuesta, conocida como la Teoría del Punto de Vista, la encontramos en filósofas de la ciencia feministas como Alison Wylie, Sandra Harding o Donna Haraway, por ejemplo, quienes señalan la importancia de reconocer el punto de vista de quienes producen el conocimiento, puesto que los métodos e instrumentos de la ciencia tradicional y positivista no necesariamente son objetivos ni neutrales, sino que responden a ciertas tendencias sociales y culturales hegemónicas (Haraway, 1991; Harding, 2004; Wylie, 2012). En el contexto de la genética y genómica de poblaciones, estos métodos e instrumentos son precisamente las estrategias analíticas, modelos algorítmicos de análisis, los criterios de muestreo y la elección y uso de etiquetas para categorías poblacionales que se han discutido a lo largo de este trabajo.

En especial, Haraway hace uso de los conceptos de conocimiento situado y lugar de enunciación -tal como se definieron en la introducción de este trabajo- para resaltar que para responder preguntas que involucran conocimientos circunstanciales específicos, existe un privilegio epistémico parcial cuando éstas son abordadas por quienes están atravesados por dichas situacionalidades. El

ejemplo con el que Haraway ilustra esto es el de las mujeres participando en la construcción del conocimiento sobre ellas mismas, pero podría ser extrapolado a la incorporación de personas indígenas en la construcción del conocimiento sobre las realidades que les atañen. Con el lugar de enunciación y el conocimiento situado, Haraway va más allá de reconocer las contingencias históricas, sociales y culturales que ya tomaba en cuenta la Teoría del Punto de Vista, al reconocer que las subjetividades que viven ciertos agentes les dan cierta ventaja para construir conocimientos apropiados a sus realidades, que es a lo que refiere Haraway como privilegio epistémico parcial (Haraway, 1991)

La propuesta harawayana permite incorporar distintas voces en la tarea de la construcción del conocimiento, creando espacios epistémicos en dónde la producción científica supera la epistemología jerárquica típica del univocismo y del positivismo científicista en donde los sujetos construyen conocimiento sobre los objetos de estudio (Beuchot, 2019; Haraway, 1991). Cuando los “objetos” son seres humanos en situacionalidades distintas a las de los sujetos, se configura un paradigma recepcionista donde los “objetos” reciben las interpretaciones del sujeto que estudia. Haraway permite la superación de esta dicotomía sujeto-objeto al abrir la puerta a diversos sujetos que hablarán desde la subjetividad de su lugar de enunciación y construirán conocimiento situado que permita el diálogo entre distintas subjetividades, dándole un carácter relacional. Esta relacionalidad y contraste permite la creación de conocimientos situados sin perder un nivel de rigor y objetividad deseables para la ciencia, alejado del relativismo inicial que se le criticó a la teoría del punto de vista (Haraway, 1991), y que además permitirían

dejar atrás la jerarquía maestro-subordinado que favorece la invisibilización (Shapin,1989).

Las historias, narrativas y preocupaciones de los pueblos y sus miembros representan parte de su diversidad epistémica. Dialogar con ellas desde la ciencia, implica también reconocer el lugar de enunciación en el que nos situamos como científicos y científicas, los valores y compromisos que hemos adquirido y con los que queremos trabajar en conjunto. La ciencia es y debe ser ocupada por los otros, jamás en aras de la diversidad o de discursos por la interculturalidad como se ha hecho en otros ámbitos siguiendo políticas estatales. Para construir conocimiento científico, las y los científicos tenemos que ceder, los recursos y el poder en nuestras manos, a quienes enriquezcan con sus conocimientos nuestra comprensión de la vida.

Bibliografía

Aguilar Gil, Y. E. (2017). Eets, atom. Algunos apuntes sobre la identidad indígena | Yásnaya Elena Aguilar Gil. Recuperado el 11 de febrero, 2018, de <https://www.revistadelauniversidad.mx/articles/f20fc5ef-75e2-44d0-8d5b-a84b2a87b7e3/eets-atom-algunos-apuntes-sobre-la-identidad-indigena?platform=hotsuite>

Aguilar-Gil, Y. E. (2020). *Ää: Manifiestos sobre la diversidad lingüística*. Almadía Editorial y Bookmate Limited. <https://www.gandhi.com.mx/aa-manifiestos-sobre-la-diversidad-linguistica>

Álvarez Peralta, C. G. (2007). *La identidad nacional mexicana: Del proyecto de nación mestiza al multiculturalismo*. Universidad Autónoma Metropolitana.

Anifowoshe, A. T., Owolodun, O. A., Akinseye, K. M., Iyiola, O. A., y Oyeyemi, B. F.

(2017). Gene frequencies of ABO and Rh blood groups in Nigeria: A review. *Egyptian Journal of Medical Human Genetics*, 18 (3), 205–210. <http://doi.org/10.1016/j.ejmhg.2016.10.004>

Ávila-Arcos, M. C. (n.d.). *Maria Avila's lab website*. Maria Avila's Lab Website.

Recuperado 30 de octubre de 2022, de <https://liigh.unam.mx/mavila/>

Bangham, J. (2014). Blood groups and human groups: Collecting and calibrating genetic data after World War Two. *Studies in History and Philosophy of Science Part Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 47, 74–86. <http://doi.org/10.1016/J.SHPSC.2014.05.008>

- Barahona A. (2013). The history of genetics in Mexico in the light of A Cultural History of Heredity. *History and philosophy of the life sciences*, 35(1), 69–74.
- Barahona, A. (2015). Transnational science and collaborative networks: the case of Genetics and Radiobiology in Mexico, 1950-1970. *Dynamis*, 35 (2), 333–358. <http://doi.org/10.4321/S0211-95362015000200004>
- Barahona, A. (2016). Medical Genetics and the First Studies of the Genetics of Populations in Mexico. *Genetics*, 204 (1), 11–9. <http://doi.org/10.1534/genetics.116.191767>
- Barahona, A. (2017). Karyotyping and the Emergence of Genetic Counselling in Mexico in the 1960s. In *History of Human Genetics* (pp. 485–501). Cham: Springer International Publishing. http://doi.org/10.1007/978-3-319-51783-4_28
- Barahona, A., y Ayala, F. J. (2005). Theodosius Dobzhansky's role in the emergence and institutionalization of genetics in Mexico. *Genetics*, 170 (3), 981–7. Recuperado de <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16076938>
- Barahona, A., y Suarez-Diaz, E. (2014). *Post-War and Post-Revolution: Medical Genetics and Social Anthropology in Mexico, 1945–70* (Vol. 2).
- Bardill, J. (2014). *Native American DNA: Ethical, Legal, and Social Implications of an Evolving Concept* (SSRN Scholarly Paper No. 2513772). <https://doi.org/10.1146/annurev-anthro-092412-155504>
- Barker, J. (2004). The human genome diversity project. *Cultural Studies*, 18(4), 571–606. <http://doi.org/10.1080/0950238042000232244>

- Basave, A. (1992). *México mestizo: Análisis del nacionalismo mexicano en torno a la mestizofilia* (1a ed.). México, Distrito Federal: Fondo de Cultura Económica.
- Belbin, G. M., Cullina, S., Wenric, S., Soper, E. R., Glicksberg, B. S., Torre, D., Moscati, A., Wojcik, G. L., Shemirani, R., Beckmann, N. D., Cohain, A., Sorokin, E. P., Park, D. S., Ambite, J.-L., Ellis, S., Auton, A., Bottinger, E. P., Cho, J. H., Loos, R. J. F., ... Kenny, E. E. (2021). Toward a fine-scale population health monitoring system. *Cell*, *184*(8), 2068-2083.e11.
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.03.034>
- Beuchot, M. (2019). Hermenéutica analógica. Exposición y discusión (ensayo). *Protrepis*, *16*, Article 16. <https://doi.org/10.32870/prot.i16.219>
- Bodmer, W. (2015). Genetic characterization of human populations: from ABO to a genetic map of the British people. *Genetics*, *199* (2), 267–79.
<http://doi.org/10.1534/genetics.114.173062>
- Bolnick, D. A., Raff, J. A., Springs, L. C., Reynolds, A. W., y Miró-Herrans, A. T. (2016). Native American Genomics and Population Histories. *Annual Review of Anthropology*, *45*(1), 319–340.
<http://doi.org/10.1146/annurev-anthro-102215-100036>
- Brodwin, P. (2002). Genetics, Identity, and the Anthropology of Essentialism. *Anthropological Quarterly*, *75* (2), 323–330.
<http://doi.org/10.1353/anq.2002.0027>
<https://doi.org/10.1111/j.1399-0039.1973.tb00505.x>
- Cann, H. M., Kidd, K. K., Lisker, R., Radvany, R., y Payne, R. (1973). Genetic structure of the HL-A system in a Nahua Indian population in Mexico. *Tissue Antigens*, *3*(5), 364–372. <https://doi.org/10.1111/j.1399-0039.1973.tb00505.x>

- Cardoso-Saldaña, G., De La Peña-Díaz, A., Zamora-González, J., Gomez-Ortega, R., Posadas-Romero, C., Izaguirre-Avila, R., Malvido-Miranda, E., Morales-Anduaga, M. E., y Angles-Cano, E. (2006). Ethnicity and lipoprotein(a) polymorphism in Native Mexican populations. *Annals of Human Biology*, 33(2), 202–212. <https://doi.org/10.1080/03014460500520006>
- Castillo Ramírez, G. (2013). La propuesta de proyecto de nación de Gamio en Forjando patria (pro nacionalismo) y la crítica del sistema jurídico-político mexicano de principios del siglo XX. *Desacatos*, 43, 111–126.
- Castillo Ramírez, G. C. (2014). Integración, mestizaje y nacionalismo en el México revolucionario. Forjando Patria de Manuel Gamio: la diversidad subordinada al afán de unidad. *Revista Mexicana de Ciencias Políticas Y Sociales*, 59 (221), 175–199. [http://doi.org/10.1016/S0185-1918\(14\)70820-7](http://doi.org/10.1016/S0185-1918(14)70820-7)
- Crawford, M. H., Leyshon, W. C., Brown, K., Lees, F., y Taylor, L. (1974). Human biology in Mexico. II. A comparison of blood group, serum and red cell enzyme frequencies, and genetic distances of the Indian populations of Mexico. *American Journal of Physical Anthropology*, 41(2), 251–268. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330410208>
- Comas, J. (1968). Biological subdivisions of the indian on the basis of physical anthropology *PAHO. Scientific Publication*;(165),1968. <https://iris.paho.org/handle/10665.2/47847>
- Cordova, M., Lisker, R., y Loria, A. (1967). Studies on Several Genetic Hematological Traits of the Mexican Population. XII.Distribution of blood group antigens in twelve indian tribes. *American Journal of Physical Anthropology*, 26 (1), 55–65.

- Dar-Nimrod, I., y Heine, S. J. (2011). Genetic essentialism: on the deceptive determinism of DNA. *Psychological Bulletin*, 137 (5), 800–18. <http://doi.org/10.1037/a0021860>
- Darling, M. J. T. (2008). Gender and Justice in the Gene Age: The Challenges Presented by Reproductive and Genetic Biotechnologies. In *Women in Biotechnology*(pp.287–301). Springer Netherlands. http://doi.org/10.1007/978-1-4020-8611-3_17
- De Souza, V. S., y Santos, R. V. (2014). The emergence of human population genetics and narratives about the formation of the Brazilian nation (1950–1960). *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 47, 97–107. <http://doi.org/10.1016/J.SHPSC.2014.05.010>
- Delphy, C. (1993). Rethinking sex and gender. *Women's Studies International Forum*, 16(1), 1–9. [https://doi.org/10.1016/0277-5395\(93\)90076-L](https://doi.org/10.1016/0277-5395(93)90076-L)
- Florescano, E. (2002). *La construcción de la nación y conflicto de identidades* [Article]. Universidad Veracruzana. <https://cdigital.uv.mx/1280-1285>. <https://doi.org/10.1126/science.1251688>
- Gall, O. (2004). Identidad, exclusión y racismo: reflexiones teóricas y sobre México (Identity, Exclusion and Racism: Theoretical Considerations). *Revista Mexicana de Sociología*, 66 (2), 221. <http://doi.org/10.2307/3541457>
- Gamio, M. (1916). *Forjando patria (pro nacionalismo)*. Mexico, Librería de Porrúa Hermanos. <http://archive.org/details/forjandopatriapr00gamiooft>

- Gorodezky, C., Terán, L., y Escobar-Gutiérrez, A. (1979). HLA Frequencies in a Mexican Mestizo Population. *Tissue Antigens*, 14 (4), 347–352.
<http://doi.org/10.1111/j.1399-0039.1979.tb00860.x>
- Gorostiza, A., Acunha-Alonzo, V., Regalado-Liu, L., Tirado, S., Granados, J., Sámano, D., Rangel-Villalobos, H., y González-Martín, A. (2012). Reconstructing the History of Mesoamerican Populations through the Study of the Mitochondrial DNA Control Region. *PLOS ONE*, 7(9), e44666.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0044666>
- Haraway, D. J. (1991). *Ciencia, cyborgs y mujeres: La reinención de la naturaleza*. Universitat de València.
- Harding, S. (2004). A Socially Relevant Philosophy of Science? Resources from Standpoint Theory's Controversiality. *Hypatia*, 19(1), 25–47.
<https://doi.org/10.1111/j.1527-2001.2004.tb01267.x>
- Hidalgo Miranda, A., Silvia-Zolezzi, I., Barrientos, E., March, S., Del Bosque Plata, L., Pérez González, O. A., ... Silva-Zolezzi, I. (2006). Mapa genómico de los mexicanos. *Ciencia Y Desarrollo*, 32, 32–53.
- Hirschfeld, L., y Hirschfeld, H. (1919). Serological Differences between the blood of different races: The result of researches on the Macedonian Front. *The Lancet*, 194 (5016), 675–679. [http://doi.org/10.1016/S0140-6736\(01\)48686-7](http://doi.org/10.1016/S0140-6736(01)48686-7)
- Jiménez- Sánchez, G. (2002). Opportunities for the Pharmaceutical Industry in the Institute of Genomic Medicine in Mexico. *Cuadernos FUNSALUD*, 38.
- Jiménez-Sánchez, G., Frenk, J., y Soberón, G. (2012). Design and implementation of a

platform for Genomic Medicine in Mexico (p. 1569). Oxford University Press.

Recuperado de

<http://books.google.com/books?hl=en&lr=&id=74toAgAAQBAJ&oi=fnd&pg=PP1&dq=GENOMICS+AND+HEALTH+IN+THE+DEVELOPING+WORLD&ots=AOeoooveo1b&sig=vFQsa8jM4Mg2SytNV0cWxVGrWGc>

Jiménez-Sánchez, G., Silva-Solezzi, I., March, S., y Hidalgo-Miranda, A. (2004). La medicina genómica en México : Los primeros pasos y el camino por recorrer. *Genome Research*, 52 (55), 1191–1198.

Jorde, L. B., Watkins, W. S., y Bamshad, M. J. (2001). Population genomics: a bridge from evolutionary history to genetic medicine. *Human Molecular Genetics*, 10 (20), 2199–2207. <http://doi.org/10.1093/hmg/10.20.2199>

Junqueira, P. C., y Castilho, L. (2002). The history of the Diego blood group. *Revista Brasileira de Hematologia e Hemoterapia*, 24, 15–23.
<https://doi.org/10.1590/S1516-84842002000100004>

Kofman-Alfaro, S., Armendares, S., Carnevale, A., Salamanca-Gómez, F., y Lisker, R. (1991). [Human genetics in Mexico]. *Gaceta Medica De Mexico*, 127(1), 85–103.

Korsbaek, Leif, y Sámano-Rentería, Miguel Ángel (2007). El indigenismo en México: antecedentes y actualidad. *Ra Ximhai*, 3(1),195-224.[fecha de Consulta 18 de Octubre de 2022]. ISSN: 1665-0441. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=46130109>

Larrieta-Carrasco, E., Acuña-Alonzo, V., Velázquez-Cruz, R., Barquera-Lozano, R., León-Mimila, P., Villamil-Ramírez, H., Menjivar, M., Romero-Hidalgo, S.,

- Méndez-Sánchez, N., Cárdenas, V., Bañuelos-Moreno, M., Flores, Y. N., Quiterio, M., Salmerón, J., Sánchez-Muñoz, F., Villarreal-Molina, T., Aguilar-Salinas, C. A., y Canizales-Quinteros, S. (2014). PNPLA3 I148M polymorphism is associated with elevated alanine transaminase levels in Mexican Indigenous and Mestizo populations. *Molecular Biology Reports*, 41(7), 4705–4711. <https://doi.org/10.1007/s11033-014-3341-0>
- Lewis, A. C. F., Molina, S. J., Appelbaum, P. S., Dauda, B., Di Rienzo, A., Fuentes, A., Fullerton, S. M., Garrison, N. A., Ghosh, N., Hammonds, E. M., Jones, D. S., Kenny, E. E., Kraft, P., Lee, S. S.-J., Mauro, M., Novembre, J., Panofsky, A., Sohail, M., Neale, B. M., y Allen, D. S. (2022). Getting genetic ancestry right for science and society. *Science*, 376(6590), 250–252. <https://doi.org/10.1126/science.abm7530>
- Lipphardt, V. (2012). Isolates and Crosses in Human Population Genetics ; or , A Contextualization of German Race Science by Veronika Lipphardt. *Current Anthropology*, 53 (S5), S69–S82. <http://doi.org/10.1086/662574>
- Lisker, R. (1981). *Estructura genética de la población mexicana: Aspectos médicos y antropológicos*. Querétaro: Salvat Mexicana de Ediciones.
- Lisker, R., Carnevale, A., y Armendares, S. (1999). Mexican geneticists' views of ethical issues in genetics testing and screening. Are eugenic principles involved? *Clinical Genetics*, 56(4), 323–327. <https://doi.org/10.1034/j.1399-0004.1999.560411.x>
- Lisker, R., Delmoral, C., y Loria, A. (1964). FREQUENCY OF THE ATYPICAL

PSEUDOCHOLINESTERASE IN FOUR INDIAN (MEXICAN) TRIBES. *Nature*, 202, 815. <https://doi.org/10.1038/202815a0>

Lisker, R., Ramírez, E., González-Villalpando, C., y Stern, M. P. (1995). Racial admixture in a Mestizo population from Mexico City. *American Journal of Human Biology*, 7 (2), 213–216. <http://doi.org/10.1002/ajhb.1310070210>

Lisker, R., Ramírez, E., y Babinsky, V. (1996). Genetic structure of autochthonous populations of Meso-America: Mexico. *Human Biology*, 68(3), 395–404.

Lisker, R., Zarate, G., y Loria, A. (1966). Studies on Several Genetic Hematologic Traits of Mexicans IX. Abnormal Hemoglobins and Erythrocytic Glucose-6-Phosphate Dehydrogenase Deficiency in Several Indian Tribe. *Blood*, 27 (6), 824–830.

López-Beltrán, C., y Garcia-Deister, V. (2013). Aproximaciones Científicas al Mestizo Mexicano. *História, Ciências, Saúde*, 20 (2), 391–410.

Manickam, S. K. (2016). Not just Skin Deep: Ideas of Racial Difference in Genetic Studies on Orang Aslis from 1950. In K. Endicott (Ed.), *Malaysia's Original People: Past, Present and Future of the Orang Asli* (Vol. 89, pp. 152–155). Singapur: National University Press of Singapore. <http://doi.org/10.1353/ras.2016.0034>

Manrique, L. (2016). Dreaming of a cosmic race: José Vasconcelos and the politics of race in Mexico, 1920s-1930s. *Cogent Arts y Humanities*, 3 (1). <http://doi.org/10.1080/23311983.2016.1218316>

- Marks, J. (2012). The Origins of Anthropological Genetics. *Current Anthropology*, 53 (S5), S161–S172. <http://doi.org/10.1086/662333>
- Martínez-Levy, G. A., Vásquez-Medina, J. A., y Cruz-Fuentes, C. S. (2010). La variabilidad del genoma del mexicano: Implicaciones y perspectivas para la investigación en psiquiatría genética en México. *Salud mental*, 33(3), 273–280.
- Moreno-Estrada, A., y Sandoval, K. (2013). Diversidad genómica en México: Pasado indígena y mestizaje. *Cuicuilco*, 20(58), 249–275.
- Moreno-Estrada, A., Gignoux, C. R., Fernández-López, J. C., Zakharia, F., Sikora, M., Contreras, A. V., Acuña-Alonzo, V., Sandoval, K., Eng, C., Romero-Hidalgo, S., Ortiz-Tello, P., Robles, V., Kenny, E. E., Nuño-Arana, I., Barquera-Lozano, R., Macín-Pérez, G., Granados-Arriola, J., Huntsman, S., Galanter, J. M., ... Bustamante, C. D. (2014). Human genetics. The genetics of Mexico recapitulates Native American substructure and affects biomedical traits. *Science (New York, N.Y.)*, 344(6189),
- Navarrete, F. (2005). El Mestizaje Y Las Culturas Regionales. *Las Relaciones Interétnicas En México*, 1–16.
- Parma, U. (2015). The History and Geography of Human Gene The History and Geography of Human Genes, (January). <http://doi.org/10.2307/2058750>
- Piñero, D., Barahona, A., Eguiarte, L., Rocha, A., y Salas, R. (2008). La variabilidad genética de las especies: aspectos conceptuales y sus aplicaciones y perspectivas en México. *Capital Natural de México, Vol. I: Co*, 415–435.

- Ramos-Lopez, O., Martinez-Lopez, E., Roman, S., Fierro, N. A., y Panduro, A. (2015). Genetic, metabolic and environmental factors involved in the development of liver cirrhosis in Mexico. *World Journal of Gastroenterology*, 21 (41), 11552–66. <http://doi.org/10.3748/wjg.v21.i41.11552>
- Reardon, J., y TallBear, K. (2012). “Your DNA Is Our History”: Genomics, Anthropology, and the Construction of Whiteness as Property. *Current Anthropology*, 53(S5), S233–S245. <https://doi.org/10.1086/662629>
- Rodríguez Rodríguez, J. E. (2019). *Reconstructing admixture and migration dynamics of Post-columbian Mexico = Reconstrucción del mestizaje y dinámicas de migración del México Poscolombino* [MasterThesis, Tesis (M.C.)--Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del I.P.N. Unidad Irapuato. Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad]. <https://repositorio.cinvestav.mx/handle/cinvestav/1687>
- Romero-Hidalgo, S., Ochoa-Leyva, A., Garcíarrubio, A., Acuña-Alonzo, V., Antúnez-Argüelles, E., Balcazar-Quintero, M., ... Soberón, X. (2017). Demographic history and biologically relevant genetic variation of Native Mexicans inferred from whole-genome sequencing. *Nature Communications*, 8 (1), 1005. <http://doi.org/10.1038/s41467-017-01194-z>
- Salamanca Gómez, F., y Cárdenas Barahona, E. (1982). Aspectos Genéticos de la Población Mexicana: Estudios en la población general y en poblaciones especiales. *Estudios de Antropología Biológica*.
- Sandoval, K., Buentello-Malo, L., Peñaloza-Espinosa, R., Avelino, H., Salas, A., Calafell, F., y Comas, D. (2009). Linguistic and maternal genetic diversity are

- not correlated in Native Mexicans. *Human Genetics*, 126(4), 521–531.
<https://doi.org/10.1007/s00439-009-0693-y>
- Sandoval Mendoza, K. (2010). Ethnicity, linguistics, and genetic diversity in native Mexicans: Reconstructing the population history of Mesoamerica [Ph.D. Thesis, Universitat Pompeu Fabra]. In *TDX (Tesis Doctorals en Xarxa)*.
<http://www.tdx.cat/handle/10803/7236>
- Sanjek, R. (1993). Anthropology's Hidden Colonialism: Assistants and Their Ethnographers. *Anthropology Today*, 9 (2), 13-18. doi:10.2307/2783170
- Shapin, S. (1989). The Invisible Technician. *American Scientist*, 77 (6), 554-563.
Recuperado el 12 de febrero,2021 de <http://www.jstor.org/stable/27856006>
- Schwartz-Marín, E. (2011). Genomic Sovereignty and the “Mexican Genome: an ethnography of postcolonial biopolitics, 319.
- Scully, M., Brown, S. D., y King, T. (2016). Becoming a Viking: DNA testing, genetic ancestry and placeholder identity. *Ethnic and Racial Studies*, 39 (2), 162–180.
<http://doi.org/10.1080/01419870.2016.1105991>
- Secretaría de Educación Pública. (2003). *Rubén Lisker Yourkowitzky Premio Nacional de Ciencias Físico-Matemáticas y Naturales*. Histórico Galardonados.
http://pnca.sep.gob.mx/en/pnca/Ruben_Lisker_Yourkowitzky
- Silva-Zolezzi, I., Hidalgo-Miranda, A., Estrada-Gil, J., Fernandez-Lopez, J. C., Uribe-Figueroa, L., Contreras, A., ... Jiménez-Sánchez, G. (2009). Analysis of genomic diversity in Mexican Mestizo populations to develop genomic

medicine in Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106 (21), 8611–8616. <http://doi.org/10.1073/pnas.0903045106>

Soberanes Fernández, J. L. (2019). *Una historia constitucional de México*. (Vol. 1). Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Investigaciones Jurídicas. <https://biblio.juridicas.unam.mx/bjv/id/5777>

Steinberg, A. G., Cordova, M. S., y Lisker, R. (1967). Studies on Several Genetic Hematologic Traits of Mexicans. *American Journal of Human Genetics*, 27 (6). Recuperado de <http://www.bloodjournal.org/content/27/6/824?sso-checked=true>

Stern, A. (2000). MeSTIZOFILIA, BIOTIPOLOGÍA Y EUGENESIA EN EL MÉXICO POSREVOLUCIONARIO: HACIA UNA HISTORIA DE CIENCIA Y EL ESTADO, 1920-1960. *Relaciones*, XXI, 59–91. Recuperado de <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=13708104>

Stevenson, A. C. (1961). Modern trends in the population genetics of man. *The Eugenics Review*, 53 (April), 9–15.

Swiggers, P. (2016). TRAS MAURICIO SWADESH: EN BÚSQUEDA DE UNA LINGÜÍSTICA <<TOTAL>>. *Revista de Investigación Lingüística*, 19, 107–130.

Vasconcelos Calderón, J. (1925). *La Raza Cósmica: Misión de la Raza iberoamericana/Notas de Viajes A la América del Sur*. Madrid: Agencia Mundial de Librería. Recuperado de <http://www.filosofia.org/aut/001/razacos.htm>

Wiener, A. S., Zepeda, J. P., Sonn, E. B., y Polivka, H. R. (1945). INDIVIDUAL BLOOD DIFFERENCES IN MEXICAN INDIANS, WITH SPECIAL REFERENCE TO THE

Rh BLOOD TYPES AND Hr FACTOR. *The Journal of Experimental Medicine*,
81(6), 559–571.

Wylie, A. (2012). Feminist philosophy of science: Standpoint matters. *Proceedings and
Addresses of the American Philosophical Association.*, 86(2),