



## UN PROBLEMA DE CONCEPTOS Y DIFUSIÓN, NO DE HERENCIA

César Marín

Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución  
Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas  
Universidad Austral de Chile  
cesar.marin@postgrado.uach.cl

**E**n su último libro, *A Troublesome Inheritance: Genes, Race, and Human History*, Nicholas Wade argumenta que el concepto de raza biológica en los humanos tiene validez científica, y que las diferencias de comportamiento social entre las preguntas razas humanas han surgido en gran parte en los últimos 10.000 años. Y que esto es un hecho conocido por los biólogos evolutivos y moleculares, pero que muchos simplemente no lo aceptan por corrección política o por miedo a perder sus carreras. El libro de Wade no se debe tomar como una revisión científica. El argumento central del libro es que el algoritmo STRUCTURE puede identificar y separar correctamente cinco grandes grupos humanos separados genéticamente (raza o subespecie), correspondientes a las cinco razas definidas históricamente. STRUCTURE estima para cada individuo, la probabilidad de que un marcador molecular elegido al azar se haya originado de uno entre un grupo de poblaciones ancestrales. Dichas poblaciones ancestrales se asumen sin migrantes y estáticas.

Los resultados obtenidos por el algoritmo cambian con el número de marcadores moleculares elegidos, la cantidad de individuos utilizados y la representatividad de las muestras elegidas.

Los estudios y proyectos que han utilizado dicho algoritmo para estudiar poblaciones humanas, han sido realizados utilizando pocos marcadores moleculares (menos de 10), en muestras de decenas a máximo centenas de individuos y generalmente en unas cuantas decenas de poblaciones aisladas. En otras especies, en las que se ha inferido la existencia de razas por marcadores moleculares utilizando STRUCTURE, se han utilizado decenas de marcadores y miles de individuos de todas las poblaciones.

De entrada, las limitaciones de muestreo (por tiempo, dinero y asuntos legales) no permiten que en seres humanos se tome una muestra lo suficientemente significativa y amplia como para inferir la existencia de razas humanas. No se puede inferir la existencia de entidades discretas (como las razas), si el muestreo ha sido también discreto. Por otro lado, no se puede asumir que los grupos ancestrales eran a su vez discretos y sin migración.

Sin duda el humano como especie, está estructurado y hay divisiones y grupos de poblaciones más relacionadas entre sí, pero esto no está indi-

cando la existencia de razas biológicas o subespecies, es decir, barreras genéticas claramente definibles y discretas. Ahora bien, ¿cómo se define una subespecie? De acuerdo a Wade –o mejor, a sus argumentos de autoridad referentes a Jared Diamond, Richard Lewontin y Ashley Montagu, una raza se conceptualiza por "cómo los genomas de individuos a través del mundo se agrupan juntos en términos de su similitud genética" (p. 96). Asumiendo que la definición de Wade sea correcta –que al respecto hay muchas definiciones, ¿qué tanta similitud se requiere para diferenciar una raza y cómo medirla?

En 1978, Sewall Wright (citado por Wade) crea el estadístico de subdivisión de la población ( $F_{ST}$ , que tiene en cuenta la heterocigocidad de los diferentes marcadores moleculares en las subpoblaciones y en la población), y señala que, arbitrariamente, valores por encima de 0.25, indicarían una gran diferenciación entre subpoblaciones. Wright, de he-

**Las limitaciones de muestreo no permiten que en humanos se tome una muestra lo suficientemente significativa y amplia como para inferir la existencia de razas humanas.**

cho, nunca utilizó ese estadístico para hablar de razas/subespecies. El valor  $F_{ST}$ , cuando se ha calculado para humanos, ha tenido valores tan bajos como 0.095 y tan altos como 0.130, pero en todo caso nunca se ha superado el valor propuesto por Wright. En otras especies en las que se ha identificado diferenciación de subpoblaciones, el valor  $F_{ST}$  ha indicado una subdivisión mucho mayor: 0.600 para venados, 0.650 para gacelas y 0.750 para lobos. Desde luego, y ajustándose a la definición del mismo Wade, el  $F_{ST}$  tiene sus limitaciones, que son las mismas del muestreo.

No se trata de corrección política de los científicos o académicos, el libro de Wade está lleno de argumentos de autoridad, revisión sesgada de la literatura (no revisando, por ejemplo, otras definiciones genéticas de raza y su interpretación, en otras especies) y falta de introducción de conceptos básicos de lo que se supone, está difundiendo.