

## VI. LA VIDA EN EL LABORATORIO DEL MESTIZO MEXICANO

VIVETTE GARCÍA DEISTER

PESE a su origen colonial y a las connotaciones despectivas que tuvo en el pasado, el término *mestizo* se ha convertido en una convención diacrónica usada para describir gente de muchos países de América Latina.<sup>1</sup> En México, el mestizaje se ha constituido como la amalgama de raza y nacionalidad que da a los mexicanos su identidad biopolítica distintiva.<sup>2</sup> Aunque las ideas sobre México como una nación mestiza y sobre la existencia de una “ciudadanía unificada” (que, desde luego, fueron fabuladas a partir de una sociedad dividida y desigual) sirvieron a los propósitos integracionistas en el momento posterior a la Revolución, siguen teniendo vigencia en el régimen político contemporáneo y han hecho carrera en la economía global del conocimiento. La categoría *mexican mestizo population* ha ido creciendo de manera lenta pero regular desde su aparición en una publicación científica en 1954,<sup>3</sup> y el genoma

<sup>1</sup> I. Katzew, *Casta Painting: Images of race in eighteenth-century Mexico*, Yale University Press, New Haven, CT, 2005 [2004].

<sup>2</sup> M. Foucault, *The birth of biopolitics: Lectures at the Collège de France, 1978-1979*, trad. de Graham Burchell; M. Senellart, A. Davidson, A. Fontana y F. Ewald (eds.), Palgrave Macmillan, Nueva York, 2008.

<sup>3</sup> El propósito de ese estudio era probar la aplicabilidad de un sensor fotoeléctrico de reflexión para medir pequeñas diferencias en la media de la piel en comunidades mexicanas con niveles variados de mezcla entre ancestros amerindios y europeos (G. Lasker, “Photoelectric measurement of skin color in a Mexican Mestizo population”, *American Journal of Physical Anthropology*, 12 (1), 1954, pp. 115-121). En un artículo publicado en 1963 por Rubén Lisker, médico genetista mexicano, se reportó la presencia de características hematológicas hereditarias en grupos indígenas y mestizos. Desde entonces, hasta la década de 1990, el estudio de hemoglobinas y antígenos fue el método más utilizado en la genética. Apenas se abrió la posibilidad de analizar la estructura genética de las poblaciones mestizas con herramientas bioinformáticas, los investigadores cambiaron su enfoque del estudio de esas moléculas a los grandes conjuntos de marcadores genéticos.

del mestizo mexicano es actualmente valorado en el campo de las ciencias biológicas debido a sus contribuciones ancestrales, es decir, a su mestizaje.

En los últimos ocho años el mestizo mexicano ha sido protagonista de una investigación genómica a gran escala que en 2005 *Nature Biotechnology* describió como “un audaz proyecto genómico basado en la raza”,<sup>4</sup> investigación que desde su nombre oficial, Proyecto de Diversidad Genómica de la Población Mexicana, destaca la búsqueda de variantes genéticas en el “compañerismo profundo, horizontal” de la comunidad imaginada.<sup>5</sup>

Este capítulo se ocupa de analizar el trabajo interno de ese proyecto, y se basa en una etnografía de laboratorio realizada entre mayo de 2010 y octubre de 2011 en el Instituto Nacional de Medicina Genómica (Inmegen). Trazo el viaje que ha hecho el mestizo mexicano desde la plaza pública o, mejor, desde el auditorio universitario en el que fue reclutado, hasta el laboratorio húmedo y el laboratorio seco, pasando por las bases de datos y las nubes informáticas. Me concentro en las mediaciones y transformaciones que tuvieron lugar durante ese proceso y muestro cómo se construyen las relaciones entre el *indígena* y el mestizo en cada uno de esos escenarios. Finalmente, argumento que el mestizo mexicano que circula hoy en día está constituido bioinformáticamente. Esto es, ha sufrido una reconfiguración material que va de la sangre (la muestra) a los bytes (información en repositorios o en nubes informáticas), lo que significa que ni la sangre ni el ADN ni los conjuntos de datos obtenidos del análisis genético toman el lugar del mestizo mexicano.<sup>6</sup> En lugar de ello, el mestizo está

<sup>4</sup> Véase V. Guerrero y S. Herrera, “Mexico launches bold genome project”, *Nature Biotechnology News*, 23 (9), 2005, p. 1030.

<sup>5</sup> B. Anderson, *Imagined communities: Reflections on the origin and spread of nationalism*, Verso, Londres, 1983, p. 25.

<sup>6</sup> M. Montoya (*Making the Mexican diabetic: Race, science, and the genetics of inequality*, University of California Press, Berkeley, CA, 2011, p. 90) afirma algo distinto respecto de la investigación llevada a cabo sobre la “diabetes mexicana” en el límite de México con los Estados Unidos. Lo que él llama “la empresa de la diabetes” comienza con la premisa de que “la persona representa biológicamente a la comunidad y [...] el ADN representa a la persona. De este modo, el ADN toma el lugar de la población de donantes de *Sun County*”, zona nombrada así por él.

presente en todas y cada una de las configuraciones de múltiples maneras:<sup>7</sup> la sangre, el ADN, los datos y los bytes son “referencias” a través de las cuales se retiene al mestizo a lo largo de una serie de transformaciones.<sup>8</sup>

Esto también está indicado por la manera en la que los científicos del Inmegen hablan de sus objetos de investigación: la “capa leucocitaria” en el congelador no es solamente la fracción de una muestra de sangre anticoagulada que, después de la centrifugación, contiene los glóbulos blancos de los cuales se extrae el *ADN stock*. La sustancia en el tubo es, de hecho, y en las categorías de los actores, un mestizo que ellos genotifican y secuencian en la práctica cotidiana del laboratorio. Los puntos en una gráfica de análisis de componentes principales (PCA, por sus siglas en inglés) son mestizos que presentan comportamientos específicos: se agrupan o se dispersan y, dependiendo de su variación, se distribuyen más cerca de una u otra población de referencia. La manera en la que se comportan en la gráfica provee la base para cualificar su afiliación mestiza (unos pueden ser más o menos europeos o nativoamericanos que otros).<sup>9</sup> Sin embargo, la vida en el laboratorio del mestizo mexicano trasciende el laboratorio y llega a la sociedad.<sup>10</sup> Una vez que habita la nube informática, el mestizo participa de las negociaciones sobre pertenencia que pueden diluir las fronteras nacionales y fomentar afiliaciones étnicas más amplias, debilitando así la pantalla protectora del “patrimonio genético”.

#### SANGRE: JORNADAS O “CRUZADAS” DE MUESTREO

El 27 de junio de 2005, en el auditorio de la Escuela de Medicina de la Universidad Autónoma de Yucatán, en el sureste de

<sup>7</sup> A. Mol, *The body multiple: Ontology in medical practice*, Duke University Press, Durham, NC, 2003.

<sup>8</sup> B. Latour, *Pandora's hope. Essays on the reality of science studies*, Harvard University Press, Cambridge, MA, 1999.

<sup>9</sup> El análisis de componentes principales (PCA) se usa para producir una representación gráfica del agrupamiento y la dispersión de un conjunto de datos variables.

<sup>10</sup> B. Latour y S. Woolgar, *Laboratory life. The social construction of scientific facts*, Princeton University Press, Princeton, NJ, 1986.

México, se reunieron unas 500 personas —estudiantes de ciencias biomédicas en su mayoría— que atentamente escucharon los discursos políticos y las charlas científicas en las que se exponían los avances de la medicina genómica en México y las razones por las que estaban invitados a participar en un proyecto de investigación de vanguardia. Aquella mañana los asistentes llegaron atraídos por una organizada convocatoria del Inmegen dirigida a donantes de sangre que fueran mestizos. Después de las negociaciones entre Gerardo Jiménez Sánchez (director general del Inmegen), el gobernador de Yucatán (José Patricio Patrón Laviada Yoca), el rector de la universidad (doctor Raúl Godoy Montañez) y el secretario de Salud del estado (doctor Jorge Sosa Muñoz), se reunió un equipo local que publicó el Proyecto de Diversidad Genómica de la Población Mexicana (PDGPM) y que ayudó a ubicar entre los estudiantes universitarios a donantes potenciales.

Sumado a todo ese esfuerzo, Jiménez Sánchez participó días antes con su equipo de investigación en programas de televisión y en la radio local comunicando en términos muy simples el objetivo general del proyecto: entender las bases genéticas de las enfermedades que afectan a la población mexicana y crear herramientas para lidiar con ellas. La estrategia funcionó. La primera jornada de muestreo atrajo no sólo a estudiantes, sino también a otros ciudadanos interesados en aprender y participar del desarrollo de una “medicina genómica aplicada a la salud pública”:<sup>11</sup> una medicina preventiva y

<sup>11</sup> Este término es resultado de una conferencia llevada a cabo entre el 14 y el 20 de abril de 2005 por el Estudio Bellagio de la Fundación Rockefeller en Italia. Se reunió a 18 participantes con el propósito de establecer una red internacional para promover las metas de la salud pública frente a los nuevos conocimientos sobre el genoma humano y al desarrollo de nuevas tecnologías. Uno de los resultados de esa iniciativa fue la creación de un modelo de “medicina genómica aplicada a la salud pública” que busca asegurar “la traducción responsable y eficaz del conocimiento y tecnologías basadas en el genoma en beneficios para la salud de la población” (Bellagio Initiative, *Genome-based Research and Population Health. Report of an expert workshop held at the Rockefeller Foundation Study and Conference Centre in Bellagio, 14-20 de abril de 2005*, Public Health Genetics, University of Washington, School of Public Health, Centers for Disease Control and Prevention, Italy, 2005, p. 7). Este modelo, aunque no fue explícitamente retomado por las directivas del Inmegen, proporciona un marco general para los objetivos generales del instituto y sus actividades.

personalizada adaptada a las necesidades y características de la población mexicana.<sup>12</sup> Afuera del auditorio, coloridos afiches adornaban el escenario donde el equipo de investigación del Inmegen explicaba en detalle cómo serían usadas y procesadas las muestras y los criterios a tener en cuenta a la hora de elegir a los donantes. Miembros de la Unidad de Asuntos Éticos, Legales y Sociales (creada a semejanza de la sección homónima del Proyecto del Genoma Humano) recogieron firmas de cada uno de los donantes y de dos testigos, en un formato de consentimiento informado, y las enfermeras del sistema local de salud extrajeron las muestras de sangre detrás de paneles blancos, que eran los únicos espacios confidenciales en todo ese escenario mediatizado. Por último, los miembros de la Dirección de Enseñanza y Divulgación del Inmegen entregaron a los donantes camisetas, tazas conmemorativas y en algunos casos cajas con desayunos, una suerte de intercambio simbólico por su sangre. Tal como uno de los miembros de la Dirección de Enseñanza y Divulgación describió: “política, ciencia y mercadotecnia coexistieron en las jornadas de recolección de muestras”. Ese mismo *modus operandi* se repitió en los estados de Zacatecas, Sonora, Veracruz, Guerrero, Guanajuato y Tamaulipas entre 2005 y 2006. Jornadas análogas de muestreo fueron llevadas a cabo en Durango y Campeche entre marzo y junio de 2007,<sup>13</sup> durante la segunda fase del proyecto.

<sup>12</sup>G. Jiménez Sánchez, *Mapa del genoma de los mexicanos. Resumen ejecutivo 2009*, Inmegen, México, 2009.

<sup>13</sup>Una nota metodológica. El 25 de octubre de 2010 cinco personas narraron colectivamente una historia que me ayudó a concebir cómo fue que tuvieron lugar las jornadas de muestreo. Dada la duración de las jornadas (cuatro años, de 2004 a 2008) y la vida de la PDGM (ocho años, de 2004 a 2012), la narración colectiva estuvo compuesta de historias parciales de vida/trabajo, de testimonios como testigos privilegiados de las jornadas y de recuerdos. Puesto que el Inmegen documentó fotográficamente las jornadas, usé ese archivo fotográfico como un “sitio de memoria” para los recuerdos (A. Gray, *Research practice for cultural studies: Ethnographic methods and lived cultures*, Sage, Londres, 2003). Cuando se estructuró el grupo focal, que denominé “remembranza colectiva” (RC), permití que los participantes decidieran el rumbo que debería tomar el ejercicio (inspirándose en las imágenes). El objetivo era irlos interrogando en la medida que reconstruyeran los eventos del pasado. La narración y los recuerdos de los participantes de la RC se complementaban entre sí. A veces los participantes se corregían unos a otros, y sustentaban esas correcciones con descripciones detalladas y usando la evi-

El tiempo invertido en recolectar las muestras (con sus correspondientes consentimientos informados) y en asegurarse de que éstas llegaran a salvo —y refrigeradas— al laboratorio en el que serían procesadas, fue el equivalente a un día de trabajo. Es ésa la razón por la que los directivos del Inmegen eligieron el término *jornada* para describir esa etapa del PDGPM. La palabra *jornada* también se refiere a un viaje, hace referencia al recorrido hecho por los miembros del equipo desde la Ciudad de México a cada uno de los estados para tomar las muestras y al recorrido de esas muestras (200 por estado) en compañía del equipo del Inmegen hasta la Ciudad de México, muchas veces el mismo día en que fueron recolectadas.

La traducción oficial al inglés de las jornadas estatales de recolección de muestras fue *Sampling Crusades* [cruzadas de muestreo], nombre que evoca una de las principales justificaciones del PDGPM. En una de sus acepciones no religiosas, una cruzada es “cualquier empresa correctiva perseguida con celo y entusiasmo”.<sup>14</sup> Y, de hecho, las jornadas de muestreo se llevaron a cabo con mucho entusiasmo, e incluso con orgullo. Pero, ¿en qué medida eran de carácter correctivo? Puesto que hasta 2005 las poblaciones mestizas no habían sido muestreadas ni incorporadas a los esfuerzos globales por describir la diversidad genómica humana (como en el proyecto HapMap en su fase 1), no era claro cómo podría la población mexicana beneficiarse de los resultados derivados de tales estudios o cómo podría tener acceso a los productos que resultaran de ellos.

El Inmegen asumió el reto de revertir esa escasa representación de las poblaciones mestizas en la investigación genómica y de asegurarse de que los beneficios futuros de la medicina genómica fueran asequibles para los mexicanos. En otras palabras, las jornadas de muestreo, o cruzadas, se anclan en lo que Epstein<sup>15</sup> ha llamado el “paradigma de inclusión-y-diferencia”: la inclusión de los miembros de un grupo que se considera ha tenido escasa representación como sujetos de inves-

dencia visual. Fue así que los recuerdos se socializaron/colectivizaron. La mayoría de los datos etnográficos utilizados en esta sección fueron recogidos durante ese proceso.

<sup>14</sup> Merriam-Webster, *New international dictionary*, vol. I, p. 546.

<sup>15</sup> S. Epstein, *Inclusion: The politics of difference in medical research*, University of Chicago Press, Chicago, 2007.

tigación biomédica. Con su enfoque en la diferencia corporizada, ese paradigma biopolítico —tal como sostiene Epstein— tiende a igualar las identidades grupales con subtipos corporales médicamente diferenciados, con la esperanza de eliminar disparidades en materia de salud. En este sentido, los promotores del PDGPM equipararon la identidad mestiza de los ciudadanos mexicanos con un cuerpo medible: el futuro “paciente genómico”.<sup>16</sup>

Con la genómica del mestizaje se busca medir diferencias (al interior de una población y en relación con otros grupos) respecto de la susceptibilidad a ciertos medicamentos y a padecer enfermedades. Los investigadores del PDGPM, en su primera publicación, evaluaron “el beneficio de un mapa de haplotipos mexicano para la identificación de genes relacionados con enfermedades comunes en mexicanos”,<sup>17</sup> y reportaron que sus resultados mostraban “diferencias genéticas regionales en México que deben ser consideradas en el diseño y análisis de estudios de asociación”.<sup>18</sup> Destacaron que en su momento ese trabajo fue “uno de los primeros estudios de asociación del genoma completo de una población de América Latina recientemente mezclada”.<sup>19</sup> Tal afirmación, hecha desde un Instituto Nacional de Salud, subraya la institucionalización del paradigma de inclusión-y-diferencia desde una postura nacionalista muy específica. Antes que hacer hincapié en la necesidad de representar una heterogeneidad nacional en la investigación científica, y con el objetivo de reclutar donantes, Inmegen puso en marcha la ideología de la homogeneidad que caracteriza al discurso nacional centralista.<sup>20</sup> De esta manera, reclutó donadores de sangre con el supuesto de que “la

<sup>16</sup> C. López Beltrán (ed.), *Genes (y) mestizos: Genómica y raza en la biomedicina mexicana*, Ficticia, México, 2011. Véase también el capítulo III de este volumen.

<sup>17</sup> I. Silva-Zolezzi, A. Hidalgo-Miranda, J. Estrada-Gil *et al.*, “Analysis of genomic diversity in Mexican Mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106 (21), pp. 8611-8616, 2009, p. 8611.

<sup>18</sup> *Idem.*

<sup>19</sup> *Idem.*

<sup>20</sup> F. Mallon, *Peasant and nation: The making of postcolonial Mexico and Peru*, University of California Press, Berkeley, 1995.

investigación en materia de salud es un sitio apropiado e importante para la intervención del Estado".<sup>21</sup>

El supuesto de que la participación en el PDGPM representaba un bien para la salud de la nación<sup>22</sup> guió la estrategia de reclutamiento de donadores. Al asegurarse de que la donación de sangre se leyera como una "relación basada en el regalo"<sup>23</sup> en la que los donantes ofrecían desinteresadamente su tiempo y sus cuerpos (un esfuerzo que fue recompensado, si recordamos las camisetas y las tazas conmemorativas), el Inmegen reconoció la importancia de establecer y mantener la confianza pública depositada en los profesionales que custodiaban las muestras recolectadas.<sup>24</sup> Pero esa confianza era recíproca. El equipo del Inmegen confió también en que la información brindada por los participantes era correcta. Para clasificar como donante, los participantes declararon no ser inmigrantes recientes, tener 18 años o más, haber nacido en el estado en el que fueron reclutados y que sus dos padres y cuatro abuelos hubieran nacido también en ese estado. Esas declaraciones no fueron ni cuestionadas ni confirmadas.

Aunque el equipo del Inmegen dejó claro que su proyecto no tendría repercusiones médicas inmediatas, los participantes experimentaron la donación de sangre como un hecho directamente relacionado con la salud. Antes de extender los brazos para que les fuera extraída la sangre, algunos de los donantes advertían a las enfermeras que "ya habían desayunado", preocupados de que el consumo de alimentos alterara los resultados de los análisis a los que iban a estar sujetas sus muestras, lo que pasa comúnmente con los exámenes clínicos. Esto ilustra el éxito del discurso mediático estatal que ofrecía hechos y estadísticas sobre cómo la medicina genética mejoraría la salud de los mexicanos en el futuro o, tal como Epstein ha señalado, el éxito de la "ciencia del reclutamiento"<sup>25</sup> para enrolar

<sup>21</sup> S. Epstein, *op. cit.*, p. 17.

<sup>22</sup> A. Petryna, *When experiments travel: Clinical trials and the global search for human subjects*, Princeton University Press, Princeton, NJ, 2009.

<sup>23</sup> R. Titmuss, *The gift relationship: From human blood to social policy*, Pantheon Books, Nueva York, 1971.

<sup>24</sup> O. Corrigan y R. Tutton (eds.), *Genetic databases: Socio-ethical issues in the collection and use of DNA*, Routledge, Londres, 2004.

<sup>25</sup> Quizá la traducción más fiel del neologismo *recruitmentology* es *reclutamientoología*.

donantes clasificados entre el mayor grupo demográfico de México.

Pero, ¿qué hay de las subpoblaciones más difíciles de reclutar? ¿Qué pasa con aquellas minorías que se dice aportan el componente amerindio de la población mestiza? Al final de la primera fase del PDGPM los investigadores muestrearon poblaciones indígenas a lo largo del territorio nacional (explicaré más adelante las razones que tuvieron para hacerlo). Sin perder de vista la importancia de establecer y mantener la confianza pública en los investigadores, se modificó la estrategia que había sido usada con éxito para reclutar donantes mestizos cuando quisieron ingresar a las comunidades indígenas. En ese nuevo contexto resultó ser más importante la relación entre el equipo del Inmegen y las autoridades sanitarias locales (médicos rurales), antropólogos y líderes comunitarios, que entre el director general del Inmegen y el gobernador local. "De hecho, en aquellas [comunidades] de difícil acceso (a veces sólo se podía llegar a los sitios para tomar muestras en helicóptero o después de seis horas de viaje por terracería), las autoridades estatales y federales no tienen ninguna influencia", comentó uno de los participantes de las jornadas. El equipo del Inmegen llegó a estos lugares después de contactar a los médicos locales y explicarles los objetivos del proyecto PDGPM:

Llegábamos en camionetas que nos prestaba la Secretaría de Salud y nos acompañaba gente que sabía manejar en esa zona, que conocía las carreteras, las rancherías y que también son conocidos porque ellos llevan las vacunas. Eran un gran apoyo. La gente veía las camionetas y muchos pensaban que iba a haber una campaña de vacunación otra vez, unos hasta iban por los niños. Entendían que era un tema de salud. Los representantes de la Secretaría de Salud, los doctores, tienen una buena imagen. En muchos de los casos no solamente ayudan dentro del hospital, sino en accidentes de carretera. La gente sí tiene esa sensación de que "ellos están aquí para ayudarnos". Independientemente del proyecto, como saben que son doctores, tienen esa referencia. Todos ellos [los doctores rurales] fueron tomadores de muestras. El recibimiento era bueno y positivo. [Participante de la RC.]

El párrafo ilustra cómo las políticas de intercambio variaron dependiendo de si los donantes eran mestizos o indígenas. En el primer caso, en el que las jornadas de recolección de muestras estuvieron dirigidas a miembros de la nación mestiza, el mediador fue el estado y el proceso de muestreo tuvo lugar dentro de una jurisdicción estatal. En el segundo caso, las jornadas tuvieron lugar por fuera de los dominios burocráticos del Estado. En aras de maximizar la posibilidad de incluir genéticamente a las comunidades indígenas en el proceso de muestreo y, por simbólica extensión, en el Estado-nación mexicano, el Inmegen hizo uso del capital social de los médicos locales y sacó provecho de situaciones de intercambios ya existentes (como la entrega de vacunas).

Un grupo de donantes indígenas se reunió en un pequeño centro comunitario en San Miguel Aloapan, Oaxaca, en cuyo fondo había una imagen de una mujer con traje típico, y cabello trenzado, de tamaño natural. El equipo del Inmegen afirmó que, tal como había pasado con los mestizos, esos donantes experimentaron la toma de muestras como un asunto directamente asociado con la salud, una práctica que les resultaba familiar debido a las campañas de vacunación.<sup>26</sup> Esto sucedió pese a que los investigadores del Inmegen explicaron cuidadosamente de qué se trataba la participación indígena en el PDGPM a los líderes comunitarios, quienes hicieron las veces de traductores (los formatos de consentimiento informado se imprimieron en zapoteco):

Se les decía que iban a participar en un estudio sobre las similitudes y diferencias entre grupos indígenas y entre indígenas y mestizos, y que esto iba a traer nueva medicina para el futuro, medicina que sus nietos iban a poder aprovechar, y que iban a contribuir al bienestar de sus comunidades y del resto del país.  
[Participante de la RC.]

<sup>26</sup> De acuerdo con la periodista Silvia Ribeiro ("El mapa genómico de los mexicanos", *La Jornada*, 3 de abril de 2005), algunas de esas expediciones de muestreo estuvieron vinculadas a programas de asistencia social como Oportunidades, <<http://www.jornada.unam.mx/2007/03/31/index.php?section=politica&article=021a1pol>>, consultado el 2 de junio de 2015, lo que sugiere que hubo una asociación intencional entre el proyecto del Inmegen y otros programas para la prevención de enfermedades en comunidades rurales.

El lenguaje usado para explicar el proyecto tuvo éxito por cuanto pudo establecer una relación social entre los donantes indígenas y los investigadores (mediados, como ya dijimos, por las autoridades locales y proveedores de salud), ya que destacaban el propósito común de encontrar formas para mejorar la salud humana.<sup>27</sup>

Los criterios para la inclusión de donantes indígenas fueron, además de haber nacido en el estado en que fueron reclutados y que sus padres y abuelos también hubieran nacido ahí (criterio que compartieron con los donantes mestizos), que el donante y sus cuatro abuelos hablaran la lengua zapoteca. Es decir, la elección de los donantes indígenas estuvo basada en un criterio sociocultural utilizado comúnmente en los censos poblacionales para designar pertenencia étnica. Que el idioma se considere como uno de los elementos que contribuyen a delimitar las poblaciones cuyo componente ancestral dota de "singularidad" genética a la población mexicana es una estrategia consistente con una forma de nacionalismo mestizo que "promueve una comprensión de la indianidad como si ésta estuviera alojada en el intestino, el corazón, la lengua, el alma y la sangre metafórica de la nación y del ser nacional".<sup>28</sup>

El equipo del Inmegen dijo que los donantes mestizos e indígenas tuvieron una buena disposición para donar sangre en las jornadas de muestreo, e informaron también acerca de la confianza de los donantes en los potenciales beneficios médicos del PDGPM. Cuando se publicaron los resultados en *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* (en mayo de 2009), el equipo de las jornadas regresó

<sup>27</sup> R. Tutton, "Person, property, and gift: Exploring languages of tissue donation to biomedical research", en O. Corrigan y R. Tutton (eds.), *Genetic databases: Socio-ethical issues in the collection and use of DNA*, Routledge, Londres, 2004, pp. 13-98.

<sup>28</sup> E. Tarica, *The inner life of Mestizo nationalism. Cultural studies of the Americas*, vol. 22, University of Minnesota Press, Minneapolis, 2008, p. 2. Para una lectura distinta del uso de criterios lingüísticos en la elección de poblaciones de muestreo, véase el análisis de E. Suárez-Díaz ("Indigenous populations in Mexico: Medical anthropology in the work of Ruben Lisker in the 1960s", *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 47, 2014, pp. 108-117, <<http://dx.doi.org/10.1016/j.shpsc.2014.05.011>>) sobre el trabajo de Rubén Lisker durante la década de 1960.

a algunos de los lugares en los que habían tomado muestras para entregar los resultados a las comunidades.

Las jornadas de entrega de resultados empezaron en septiembre de 2009. Se visitaron no todos los estados porque el tiempo no dio para más, pero sí fuimos a Sonora, Yucatán, Campeche, Veracruz, Zacatecas. En algunos casos regresamos con los mismos contactos o con nuevos si los gobernadores habían cambiado. La idea era cerrar el ciclo, hacerles saber que habíamos actuado conforme al plan. Se armó un paquete que contenía un CD, un resumen ejecutivo, publicaciones relevantes al proceso, la publicación [de *PNAS*] en inglés y en español y se hicieron presentaciones sobre las diferentes etapas del proceso. Un investigador hablaba sobre el manejo de las muestras, otro hablaba sobre el procesamiento de microarreglos. Otro presentaba el análisis y la administración de la información y de los datos. Y se terminaba con la parte ética, legal y social. No se entregaba un mapa [genómico] de cada estado, pero en las presentaciones sí se destacaban los resultados del estado que se visitaba. Era un evento breve, de corte político-informativo. A ese evento no necesariamente asistían los donadores. Pero en algunos casos sí. El primer donador, un señor de Yucatán, sí llegó a la entrega de resultados. En algunos estados se le dio mucha importancia a este evento. En Campeche tuvimos estudiantes universitarios, de las escuelas de enfermería y medicina, estudiantes mayas. En el convenio de colaboración que se firmaba con la universidad y el gobierno del estado no solamente se les solicitaba apoyo para la toma de muestras, sino también se establecían intercambios académicos. No solamente les sacamos muestras y les pedimos apoyo, también implicó esta parte académica. Un caso interesante fue Calkini. Dos estudiantes indígenas, ingenieros de esa comunidad, vinieron a conocer la parte de información y manejo de datos. Estuvieron aquí un mes, manejando datos, sus datos de la población indígena de Calkini. [Participante de la RC.]

El empeño en regresar a los lugares en que se tomaron las muestras para entregar los resultados habla de la conciencia que tuvieron los directivos del Inmegen de lo necesario que resulta cultivar políticas de reciprocidad, sobre todo cuando se trata de resultados abstractos de un proyecto de investigación

que es muy difícil de concretar en aplicaciones médicas. La investigación de la medicina genómica es, tal como Eric Lander describió en el discurso inaugural de un importante congreso en el Inmegen, “una inversión en el futuro”.

#### ADN: EL MESTIZO ETIQUETADO E INFERIDO

La Unidad de Genotipificación y Análisis de la Expresión del Inmegen estaba, en el momento de mi etnografía, ubicada en el sexto piso de un edificio de oficinas al sur de la Ciudad de México. Hasta 2007, año en que las jornadas llegaron a su fin, las muestras del PDGPM se habían almacenado y procesado en el llamado Laboratorio HapMap que dirigía Jiménez Sánchez, ubicado en el quinto piso. En enero de 2007 comenzó a funcionar la Unidad de Genotipificación y Análisis de la Expresión. Irma Silva-Zolezzi fue nombrada jefa de la unidad, y todo el trabajo del PDGPM se trasladó al sexto piso. De inmediato se implementó el genotipado automático de los mestizos conforme al protocolo Affymetrix 100K SNP. Como resultado de esta reorganización, mestizos e indígenas migraron junto con técnicos e investigadores al piso inmediato superior del edificio. Es ahí donde el mestizo mexicano, en su configuración de ADN, se almacena, manipula, genotipa y secuencia. Ahora voy a hablar sobre las etiquetas e inscripciones usadas para designar, en algunos casos, y para corroborar, en otros, que el mestizo ha sido exitosamente transmutado en el contenido de un crio-tubo y que está haciendo parte de las series de transformaciones que sufren los objetos cuando son manipulados por los científicos, esto es, las mediaciones de la materia a la forma que Latour<sup>29</sup> ha llamado “referencia circulante”.

Los números 3110506270300302 son los 16 dígitos del código de barras que identifica un crio-tubo alojado, junto con 63 más, dentro de una caja de plástico en un refrigerador en la Unidad de Genotipificación y Análisis de la Expresión. Al examinar ese código de barras, investigadores y técnicos pueden inferir que la muestra se tomó en el estado de Yucatán (31), que corresponde a un donante masculino (1), que fue re-

<sup>29</sup> B. Latour, *op. cit.*, 1999.

colectada el 27 de junio de 2005 (050627), que el tubo contiene ADN (03), que es la tercera muestra recolectada en Yucatán (003) y que el ADN se encuentra en una “concentración de trabajo” de 50 nanogramos por microlitro (02). Además, la etiqueta guardada en la base de la caja de plástico indica que las muestras ahí guardadas son de “hombres mestizos”. Pero, ¿qué papel desempeñan esas etiquetas como referencias circulantes y cómo incorporan al mestizo en la investigación genética de poblaciones?

Volvamos a las jornadas de recolección de muestras. Después de haber plasmado su nombre y su firma en una hoja de consentimiento informado, los donantes llenaron un formulario con información relativa al estado en que habían nacido ellos, sus padres y sus abuelos. Enseguida, se pegó un código de barras (el cual en ese momento carecía de los últimos dos dígitos) en el formulario, y otro en cada uno de los cuatro tubos de sangre tomados de los donantes. Los consentimientos informados (que se almacenan por separado de los formularios) no fueron etiquetados, razón por la que no hay forma directa de conectar la identidad del donante con su código de barras.

Por un lado, el código de barras vuelve anónima la muestra de sangre y, por el otro, le otorga un nombre —una referencia— de fácil identificación y circulación cuyo nivel de detalle puede ampliarse en el laboratorio. Allí, tras la extracción del ADN se agregan los últimos dos dígitos al código de la muestra. Tal como explicó una joven investigadora involucrada en el diseño de la estrategia de muestreo, la incorporación de esos dos últimos dígitos en el código fue ideada como una estrategia flexible para acomodar diferentes tipos de muestras, y no sólo ADN. La intención original era crear un biobanco que incluyera ADN, plasma, ARN, e incluso líneas celulares. El consentimiento informado se formuló con ese objetivo en mente;<sup>30</sup> el consentimiento era tan general que permitía que se usaran las muestras y se implementaran distintos pro-

<sup>30</sup> Aunque nunca se materializó el proyecto del biobanco, el Imegen todavía forma parte del Public Population Project in Genomics (P3G), una de varias iniciativas que promueven las colaboraciones entre biobancos e investigadores que se dedican a la genómica de poblaciones humanas.

cedimientos en proyectos de investigación derivados de PDGPM aún no especificados.<sup>31</sup>

La historia de la etiqueta en la caja es otra. Escrita a mano, la mayoría de las veces directamente sobre la superficie de plástico con marcador indeleble negro o azul, la etiqueta es una abreviación del tipo de población de la que deriva el ADN: mestizo o indígena, hombre o mujer. En aquellos estados en los que sólo se tomaron muestras de mestizos, la etiqueta se puede inferir de los primeros tres dígitos del código de barras, pero en los que se tomaron muestras de mestizos e indígenas, la etiqueta en la caja contiene información adicional en la que se puede leer: "Mayas 01 Yucatán". El calificativo *maya* no está codificado en el código de barras, pero de todas maneras se incorpora a la investigación genómica. Los investigadores esperan de los mestizos que presenten evidencia genética del mestizaje, y de los mayas lo contrario. Veamos entonces cómo esas expectativas son abordadas en la práctica científica y la manera en que las categorías mestizo e indígena aparecen en la ciencia genómica.

La muestra 3110506270300302, y muchas otras, son sujetas a genotipificación por PCR o por secuenciación. El objetivo es asignarle a cada muestra un haplogrupo mitocondrial y un haplogrupo del cromosoma Y. Los haplogrupos mitocondriales más comunes en América son A, B, C y D,<sup>32</sup> y uno de los haplogrupos del cromosoma Y más comunes en Europa continental, que está ampliamente distribuido en la península ibérica, es R.<sup>33</sup> Así, por ejemplo, si la muestra presenta haplogrupos B y R, esto indica "mestizaje".<sup>34</sup> Este proceso se aplica a decenas de muestras cada día. En todos los casos que obser-

<sup>31</sup> R. Chadwick y K. Berg, "Solidarity and equity: New ethical frameworks for genetic databases", *Nature Reviews: Genetics*, 2 (4), 2001, pp. 318-321.

<sup>32</sup> A. Torroni, J. Neel, R. Barrantes *et al.*, "Mitochondrial DNA 'clock' for the Amerinds and its implications for timing their entry into North America", *Proceedings of the Natural Academy of Sciences of the United States of America*, 91 (3), 1994, pp. 1158-1162; N. Maca-Meyer, A. González, J. Larruga *et al.*, "Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions", *BMC Genetics*, 2 (1), 2001, p. 13.

<sup>33</sup> T. Karafet, F. Mendez, M. Meilerman *et al.*, "New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree", *Genome Research*, 18 (5), 2008, pp. 830-838.

<sup>34</sup> Este resultado es consistente con el mito fundacional de la nación mexi-

vé, la genotipificación confirmó invariablemente que la etiqueta *mestizo* era correcta. De ese modo, la genotipificación provee evidencia cualitativa de que la muestra que ha sido clasificada usando la categoría social *mestizo* es, en efecto, mestiza en el ámbito genético.<sup>35</sup> Sobre la posibilidad de “definir” genéticamente al mestizo Silva-Zolezzi comentó:

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

Para solucionar el dilema de que una muestra socialmente clasificada como *mestiza* una vez examinada en el laboratorio sea genéticamente identificada como indígena, se analiza el ADN nuclear.

A través de visitar el ADN nuclear en marcadores que sabemos que tienen diferenciación entre europeo e indígena —y un número sustancial— porque si tomo cinco marcadores nucleares en un individuo que tiene Y y mitocondrial indígena, tengo altísima probabilidad de que esos cinco me salgan indígenas y yo

cana: que todos los mexicanos descienden de padres europeos (españoles, específicamente) y madres indígenas.

<sup>35</sup> Las muestras femeninas (que carecen de ADN del cromosoma Y) están sujetas a procesos diferentes. Puesto que en esas muestras el mestizaje no se puede “inferir” del haplogrupo mitocondrial, están supeditadas a análisis de ADN nuclear con un conjunto de marcadores informativos de ancestría. El costo y grado de resolución de este análisis varía en función del número y el tipo de marcadores usados.

me vaya con la idea de que ese individuo es indígena. Pero si le hago 100 me voy a dar cuenta de que no: ese individuo es un mestizo porque empieza a presentar marcadores europeos. Y si le hago 1000 y si le hago 1500 voy a ir afinando esas contribuciones [ancestrales].

La búsqueda de marcadores europeos resalta la flexibilidad de la categoría social *mestizo*. Cuando ha sido incorporada en la investigación genética (en el muestreo) no sólo es difícil abandonarla sino que, de hecho, alimenta las prácticas de corroboración. Cuando ese "ir afinando las contribuciones" se aplica a las muestras indígenas, el ajuste de las contribuciones ancestrales abre la posibilidad de que para una persona catalogada como indígena por la técnica de muestreo, y corroborada como tal mediante la genotipificación, pueda detectarse la contribución europea a través de marcadores informativos de ancestría (AIM).

Si, tal como en el caso anterior, se observara evidencia genética de mestizaje en una muestra indígena, la etiqueta sobre la muestra y la afiliación personal a un grupo dado cambiaría de *indígena* a *mestizo* con base en inferencias estadísticas. Silva-Zolezzi argumentó por qué esa situación es posible: "No conozco ninguna población indígena que sea 100% nativa americana o 'pura' (entre comillas)". Explicó, además, que las poblaciones pueden presentar grados de mezclas mayores o menores: de toda la población indígena muestreada por el Inmegen, "los mayas tienen el más alto nivel de mestizaje [...] lo que pasa es que en las poblaciones indígenas la cantidad de mestizaje detectable es más pequeña que la que se detecta en poblaciones mestizas". La razón para distinguir entre indígena y mestizo y, lo que es más importante, la razón para mantener la etiqueta indígena aun ante la evidencia de la mezcla genética, es descrita así:

Sigues incluyéndolos en el grupo indígena porque así es como se definieron [...] porque las poblaciones indígenas no sólo son indígenas genéticamente; son indígenas en cultura, en usos y costumbres, así es como se auto-identifican y esto correlaciona con su genoma [...] pero hay individuos dentro de estos grupos que poseen genes y variantes de genoma europeo [...] generalmente

en una proporción menor que la del mestizo promedio [Silva-Zolezzi, 24 de julio de 2010].

Los científicos llaman *outliers* a aquellos indígenas que quedan agrupados más cerca de los mestizos que de sus poblaciones indígenas de referencia, pues son numéricamente distantes del resto de los conjuntos de datos y han quedado por fuera de la media de distribución de las muestras. Puesto que no confirma la división indígena/mestizo, los científicos tienden a excluirla y a considerarla como “ruido genómico”. Debido al grado relativamente alto de mestizaje de los mayas del estado de Yucatán, es ahí donde los *outliers* aparecen con mucha frecuencia. Sin embargo, también hay mestizos que casi se superponen con los indígenas. Lo mismo ha pasado en Oaxaca, Campeche y Guerrero. Incluso cuando las muestras se comportan estadísticamente como indígenas, los investigadores del PDGPM afirman que ese comportamiento apunta a “cualidades diferentes del mestizaje”.<sup>36</sup>

El efecto de esas interpretaciones —con las que los indígenas pueden llegar a considerarse mezclados, mientras los mestizos son inevitablemente mestizos (aunque en diferentes configuraciones materiales)— es la reiteración de México como una nación mestiza. El indígena, una vez más, y mediante el análisis del ADN nuclear, es genéticamente asimilado en el mestizo. El mestizo vive latente en el indígena que resiste la fuerza del mestizaje. Sin embargo, no hay regreso del mestizo al indígena.

<sup>36</sup> En otro artículo he descrito analíticamente dos categorías de mestizaje (V. García, “Mestizaje en el laboratorio, una toma instantánea”, en C. López Beltrán (ed.), *Genes (y) mestizos: Genómica y raza en la biomedicina mexicana*, pp. 143-154, UNAM/Ficticia, México, 2011). Hay un mestizo discreto (uno puede ser o no mestizo) y un mestizo continuo (uno puede ser más o menos mestizo), y cada uno cumple papeles diferentes en la práctica científica. Definido cualitativamente, el primero confirma que las etiquetas puestas a las muestras son correctas. El segundo, que se define en términos de contribuciones ancestrales, permite la comparación entre individuos o entre subpoblaciones.

## DATOS: MÉTRICA MESTIZA

El mestizo, después de ser genotipado, viaja de la Unidad de Genotipificación y Análisis de la Expresión hacia otra instalación en el sexto piso: la Unidad de Supercómputo y Tecnología de la Información. Llega a un *cluster* de Linux donde es recodificado una vez más, pero ahora en código binario. La atención que recibe el mestizo en esta habitación enfriada por el aire acondicionado, y apenas habitada por dos analistas y un pingüino de peluche (que es la mascota de Linux), es secundaria respecto a la que se le da en el quinto piso, en el laboratorio de genómica computacional. Ese laboratorio "seco" es una oficina mediana con cuatro estaciones de trabajo equipadas con computadores personales y monitores de 18 a 20 pulgadas conectados al *cluster*.

De los cuatro investigadores que trabajan ahí, sólo Juan Carlos Fernández se dedicaba de tiempo completo a la bioinformática del PDGPM en el momento de mi etnografía. El trabajo de Fernández implica conservación, análisis y visualización de los datos, esto es, las marcas del uso intensivo de datos en la práctica científica.<sup>37</sup> Invierte muchas horas del día "conociendo" los datos del PDGPM, extrayendo patrones a partir de grandes conjuntos de datos (para lo que su entrenamiento en inteligencia artificial ha probado ser bastante útil) y haciendo decenas de consultas antes de ejecutar el programa de análisis de ancestría o de producir alguna gráfica que habrá de examinar con Silva-Zolezzi.

Los investigadores biomédicos en otros tiempos almacenaron, procesaron y visualizaron sus datos en aplicaciones computacionales básicas, como las hojas de cálculo de Excel. Sin embargo, actualmente la confianza cada vez mayor en los procesos automatizados de laboratorio que generan enormes cantidades de información muestra que el nuevo modelo es para que los datos, antes de procesarse, sean capturados por instrumentos y para que la información o el conocimiento resultante sea almacenado en computadoras. En esa tubería, los

<sup>37</sup> T. Hey, S. Tansley y K. Tolle (eds.), *The fourth paradigm: Data-intensive scientific discovery*, Microsoft Research, Redmond, WA, 2009.

científicos se aproximan a sus datos muy tarde en el proceso.<sup>38</sup> Aun cuando el Inmegen fue concebido como un centro de investigación de vanguardia que acoge esa manera de hacer ciencia, los investigadores a menudo cuestionan si la gestión de los datos constituye una parte fundamental de la empresa científica, si un bioinformático debe ser considerado un colaborador principal o, incluso, un primer autor en una publicación. La impresión de Fernández es que recientemente se comienza a apreciar la importancia de su trabajo:

Darle sentido biológico a un dato es relativamente fácil, lo difícil es extraer el dato, saber qué parámetros usar [para obtener información], ése es el papel del bioinformático [...] Soy el primero en visualizar los datos, los veo incluso antes que el investigador biomédico.

La sección de materiales y métodos de la publicación del Inmegen en *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America PNAS* está básicamente dividida en dos partes: la colección de muestras y procedimientos del laboratorio "húmedo" y los procedimientos del laboratorio "seco". Lo último implica el uso del programa EINGENSOFT que cuenta con el algoritmo EIGENSTRAT.<sup>39</sup> Este software se basa en una aproximación estadística llamada *análisis de componentes principales* (PCA, por sus siglas en inglés). Tal como explican Fujimura y Rajagopalan,<sup>40</sup> EIGENSTRAT es usado para dividir las muestras en grupos o *clusters* fundamentados en las similitudes de las variaciones de los puntajes de SNP.<sup>41</sup> EINGENSOFT es particularmente útil para construir *clusters* a través de algoritmos que "no dependen de muestras previamente etiquetadas o clasificadas [...] y no requieren que se especifique previamente el número de los *clusters* o grupos esperados".<sup>42</sup>

<sup>38</sup> *Ibid.*, p. xix.

<sup>39</sup> M. Patterson, A. Price y D. Reich, "Population structure and eigenanalysis", *PLoS Genetics*, 2 (12): e190, 2006.

<sup>40</sup> J. Fujimura y R. Rajagopalan, "Different differences: The use of 'genetic ancestry' versus race in biomedical human genetic research", *Social Studies of Science*, 41 (1), 2011, pp. 5-30.

<sup>41</sup> Polimorfismo de un solo nucleótido, por sus siglas en inglés (SNP).

<sup>42</sup> J. Fujimura y R. Rajagopalan, *op. cit.*, p. 11.

Al modelar las variaciones de los puntajes de SNP (referidas por los científicos del PDGPM como diferencias de ancestría) a lo largo de ejes continuos de variación, el programa permite que los científicos visualicen puntos en una gráfica: conjuntos de datos que presentan agrupaciones (a las que los científicos del PDGPM se refieren como poblaciones). A partir de esas agrupaciones y su distribución, los científicos hacen inferencias —por ejemplo, basados en la ancestría, los mestizos quedan lejos de los africanos y más cerca de los europeos que de los asiáticos del este—. <sup>43</sup> Ahora bien, ¿cómo fueron usadas esas herramientas informáticas para ver y dar cuenta de la relación entre los mestizos y los indígenas mexicanos?

Pese a la tenacidad de la división indígena/mestizo como una manera de clasificar a la población mexicana en los estudios genéticos (véanse los capítulos III y VII en este volumen), la toma de muestras indígenas no se puso en práctica desde el principio. La necesidad de recolectar muestras indígenas fue mostrada por los evaluadores de PNAS en la segunda mitad de 2008. Fueron ellos quienes solicitaron la inclusión de una población de contraste que ayudara a dar sentido a la designación usada para las poblaciones estudiadas.

El calificativo *indígena*, que en las publicaciones científicas aparece como “nativo americano”, es moneda común en los Estados Unidos y se usa para referir a los descendientes de los habitantes precolombinos y distinguirlos de quienes descienden de personas “mezcladas”. Para el equipo del Inmegén, durante un primer intento de publicación (en el que se informó de los resultados obtenidos usando tecnología EIGENSTRAT), todo lo que no era asiático-oriental, africano o europeo, y que de acuerdo con las gráficas obtenidas mediante el análisis de componentes principales correspondía a una cuarta población ancestral —inicialmente no etiquetada—, fue catalogado como “nativo americano”. Los evaluadores de PNAS solicitaron que se confirmara que el comportamiento de los datos obtenidos de las poblaciones mestizas (distribuidas en una línea

<sup>43</sup> Para un análisis crítico de cómo es interpretado ese tipo de gráficas en tanto representaciones de diferencias de ancestrías genéticas, o como una consecuencia de la “traducción o desplazamiento de grupos de muestras genéticamente similares a categorías de muestras con [...] ‘ancestría compartida’”, véase J. Fujimura y R. Rajagopalan, *op. cit.*

imaginaria entre europeos y otro vector) era de hecho atribuible a una población que los científicos del Inmegen pudieran etiquetar como “nativa americana”.

El PDGPM no tomó muestras de poblaciones indígenas desde el principio como estrategia para evadir conflictos potenciales con esos grupos. Durante todo el siglo xx las poblaciones indígenas de regiones diferentes de México fueron muestreadas con propósitos científicos, generalmente por genetistas ayudados de antropólogos físicos y culturales.<sup>44</sup> Tales iniciativas, sin embargo, no estuvieron en el marco de proyectos institucionales financiados por el Estado.<sup>45</sup> La experiencia del Proyecto de Diversidad del Genoma Humano (HGDP, por sus siglas en inglés), que en lo que duró la recolección de muestras entre grupos indígenas enfrentó resistencia, conflicto y escándalo,<sup>46</sup> era bien conocida en el momento que se planeó el PDGPM. Una manera de evitar un desenlace similar era tomar distancia de aquellas “preguntas antropológicas” formuladas por el HGDP y promocionar un “fuerte enfoque biomédico” más cercano al defendido por el exitoso proyecto HapMap.<sup>47</sup> Otra opción era, simplemente, no tomar muestras de grupos indígenas. Inspi-

<sup>44</sup> E. Suárez-Díaz, *op. cit.*

<sup>45</sup> C. López Beltrán y V. García, “Aproximaciones científicas al mestizo mexicano”, *História, Ciências, Saúde – Manguinhos*, 20 (2), 2013, pp. 391-410.

<sup>46</sup> J. Reardon, “The Human Genome Diversity Project: A case study in co-production”, *Social Studies of Science*, 31 (3), 2001, pp. 357-388.

<sup>47</sup> C. Dennis, “Special section on human genetics: The rough guide to the genome”, *Nature*, 425 (6960), 2003, pp. 758-759. Los científicos del PDGM expresaron la necesidad de conferir a su investigación una identidad disciplinaria bien demarcada. La preocupación principal era dejar claro que sus preguntas podrían ser inscritas en la biomedicina o en la medicina genómica aplicada, y no en la antropología. Silva-Zolezzi me contó con preocupación, en conversación de 5 de mayo de 2010, que apenas dejara el Inmegen para trabajar en Nestlé, otros investigadores ocuparían su puesto (en ese momento se presumía que sus sucesores serían antropólogos), y expresó “temor” de que “el proyecto se volviera mucho más poblacional y menos enfocado en sus aplicaciones biomédicas”. El 26 de junio de 2010 Silva-Zolezzi fue más allá en su explicación, y afirmó que en los estudios antropológicos se busca “encontrar algo único en la población”, lo que arroja mucha información histórica y evolutiva, “pero no explica diferencias en términos de enfermedad entre grupos humanos”. “La variabilidad común, que es lo que busca el proyecto de diversidad, es útil para entender la enfermedad”. En este sentido, Silva-Zolezzi asoció la búsqueda de variabilidad común con la medicina genética y la búsqueda de variantes raras con la antropología genética.

rado en el Proyecto HapMap, el PDGPM del Inmegen optó por la primera estrategia, y la decisión política más sensible de recolectar y procesar muestras indígenas se pospuso.

Jiménez Sánchez se reunió en 2005 con gobernadores de estados y con autoridades de salud federales y locales para evaluar la posibilidad de muestrear algunas regiones. Oaxaca, con su numerosa población indígena, en buena medida se volvió una posibilidad viable debido a que Ulises Ruiz,<sup>48</sup> gobernador del estado, respaldó la incursión del Inmegen en ese territorio.<sup>49</sup> Cuando los evaluadores de PNAS pidieron que se incluyera un grupo de nativoamericanos, inmediatamente se pensó en los zapotecas. Tal como Silva-Zolezzi comentó al etnógrafo Ernesto Schwartz dos meses antes de que el artículo saliera publicado, muestrear zapotecas fue “una decisión pragmática” cuya concesión estuvo mediada por el estado. Fue así que se modificó la estrategia de muestreo del Inmegen para el PDGPM a través de una serie de negociaciones que tuvieron connotaciones metodológicas y políticas.<sup>50</sup>

<sup>48</sup> Miembro del Partido Revolucionario Institucional (PRI), Ulises Ruiz fue gobernador de Oaxaca entre diciembre de 2004 y noviembre de 2010. Sus actividades corruptas empezaron desde que se posicionó en el cargo (razón por la que fue bautizado Ulises Ruín). Fue especialmente notorio su trato ilegal a los miembros del Sindicato Nacional de Trabajadores de la Educación, quienes se enfrentaron a él reclamando aumentos en los sueldos y otros asuntos laborales. En 14 de junio de 2006 desalojó a unos 70 000 manifestantes de la plaza central de la ciudad de Oaxaca (quienes se las arreglaron para resistir siete horas de enfrentamientos). La Asamblea Popular de los Pueblos de Oaxaca (APPO) se conformó poco después, en respuesta a las acciones de Ruiz. La APPO acusó a Ruiz de fraude político y promoción de la impunidad, y solicitó su renuncia inmediata. A pesar de las recomendaciones hechas por el Senado a Ruiz para que dimitiera de su cargo (a las que se sumaron las de la Cámara de Diputados), Ruiz se rehusó a renunciar. Completó los seis años en el cargo bajo lo que el Senado describió como “serias condiciones de ingobernabilidad”.

<sup>49</sup> Con la anuencia de Ulises Ruiz, el Inmegen firmó el 22 de marzo de 2007 un acuerdo con los servicios estatales de salud y con los establecimientos educativos para tomar muestras de “grupos indígenas” en la región. El hecho no pasó del todo inadvertido. La periodista Silvia Ribeiro lo describió como un “proyecto vampiro” (frase originalmente usada en los medios norteamericanos para describir el HGDP) sin ninguna utilidad para los indígenas de Oaxaca, pero que beneficiaría a investigadores, instituciones y farmacéuticas internacionales (*La Jornada*, 3 de abril de 2007).

<sup>50</sup> En diciembre de 2008 un participante de las jornadas le dijo al etnógrafo

Treinta zapotecas no relacionados (esto es, sin vínculos familiares) de una comunidad en la Sierra Norte de Oaxaca fueron establecidos en el análisis de la diversidad genómica de los mestizos mexicanos como la población *ancestral* amerindia. Los zapotecas (ZAP), al ser mantenidos en un espacio de diferencia no concedido a las otras muestras de poblaciones indígenas (pues, como mostré en la sección anterior, se consideró que todas las otras poblaciones indígenas estaban mezcladas) se volvieron una población de referencia, algo muy similar a lo que había ocurrido con las poblaciones CEU, YRI, JPT y CHB del HapMap. Ese movimiento, mantenido como una decisión pragmática, se justificó citando los resultados de un artículo publicado en junio de 2007 en el *American Journal of Human Genetics*. En él se indicaba que los “zapotecas de Oaxaca, en el sur de México, proveen el mejor pronóstico de la ancestría nativa americana de latinos de Los Ángeles (19%) y mexicanos (18%)” lo que resultó en favor de “los zapotecas como la población más útil para el propósito de construir un mapa (de mezclas)”.<sup>51</sup> Pero adscribir a los zapotecas a un espacio y a un tiempo<sup>52</sup> diferentes fue, de algún modo, un pacto con el nacionalismo mestizo del siglo xx que, apoyado por el indigenismo estatal, asimiló con éxito a las culturas indígenas

Ernesto Schwartz que a pesar del apoyo concedido por las autoridades locales (o quizá a raíz de ello), recuperar muestras de Oaxaca no fue tarea fácil. La conexión entre Inmegén y el infame Ulises Ruiz encendió las alarmas, y la APPO, junto con otras organizaciones indígenas, estuvieron cerca de pedir que las muestras regresaran a la comunidad. Sin embargo, Silva-Zolezzi relató que la primer jornada de muestreo indígena en Oaxaca se llevó a cabo sin tropiezos y con muy buenos resultados, lo que estimuló que el análisis se extendiera a otras regiones.

<sup>51</sup> A. Price, N. Patterson, F. Yu *et al.*, “A genomewide admixture map for Latino populations”, *The American Journal of Human Genetics*, 80 (6), pp. 1024-1036, 2007, p. 1029. Estas decisiones —qué población designar como la de referencia para la ancestría nativoamericana— no son inamovibles y pueden cambiar en el curso de un proyecto de investigación. Silva-Zolezzi me comentó, retrospectivamente, en una conversación sostenida en mayo de 2010, que no usaría ZAP como la población de referencia para la ancestría nativoamericana, ya que nueva información le indica que ésta no conforma un grupo genéticamente homogéneo.

<sup>52</sup> Esto es lo que el antropólogo J. Fabian (*Time and the other: How anthropology makes its object*, Columbia University Press, Nueva York, 2002) ha denominado “negación de la contemporaneidad”.

refiriéndolas como primitivas o, al menos, anacrónicas respecto al resto de la población.<sup>53</sup>

Sin mucha conciencia sobre esos vínculos ideológicos, los investigadores produjeron una gráfica que *muestra* a los mestizos distribuidos entre, pero claramente separados de, los europeos (CEU) y los nativoamericanos (ZAP). Primero se infirió a los nativoamericanos (por defecto la “otra” población ancestral), y luego se enrolaron —de una manera subsidiaria— como la población que les confiere a los mestizos mexicanos su comportamiento estadístico distintivo. De ese modo, los indígenas “se ubican en el origen prehistórico de la nación y en sus raíces metafóricas”.<sup>54</sup> Simultáneamente, el resultado del análisis genómico sugiere que las diferencias genéticas entre los mexicanos mestizos se deben, principalmente, a las diferencias en sus contribuciones amerindias, lo que promueve “una conciencia de tiempo y espacio compartido entre indios y no indios, el núcleo de la nación mestiza”.<sup>55</sup> Esta “singularidad genética” medible ha privilegiado al mestizo sobre el indígena como objeto de la genética de poblaciones y de la biomedicina en México.<sup>56</sup>

En años recientes ha habido una creciente demanda de muestras de “ancestría mexicana” para incluirlas en ambiciosos proyectos de secuenciación de genoma completo que aspiran a proporcionar recursos sobre la variación genética humana y herramientas para hacer más análisis informáticos. El Proyecto de los 1000 Genomas tiene 69 muestras de ese tipo, mientras que Complete Genomics ha secuenciado cinco de ellas. Todas esas muestras son subconjuntos de la muestra de la población de ancestría mexicana creada por el renombrado proyecto HapMap. Este proyecto incluyó muestras de ancestría mexicana provenientes de Los Ángeles sumadas a

<sup>53</sup> E. Tarica, *op. cit.* Véase también el capítulo III de este volumen.

<sup>54</sup> *Ibid.*, p. 2.

<sup>55</sup> *Idem.*

<sup>56</sup> Aunque recientemente, bajo el supuesto de que la susceptibilidad de los mestizos mexicanos a ciertas enfermedades (*e. g.* diabetes) proviene del componente ancestral amerindio, las poblaciones indígenas están cobrando relevancia como objeto de estudio biomédico (V. García, “Mito y patología: Avatares de la indigeneidad y la nación mexicana”, ponencia presentada en la XIV Reunión Internacional de Historiadores de México, Katz Center for Mexican Studies, Universidad de Chicago, 2014).

las de otras 10 poblaciones. Así, se obtuvieron datos sobre diferencias poblacionales genéticas específicas que se suponen útiles para los estudios de asociaciones genéticas. La necesidad de incluir muestras mestizas en los análisis genómicos ha sido ampliamente reconocida, puesto que el riesgo de que algunas enfermedades que tienen mayor incidencia entre las poblaciones de los Estados Unidos se han correlacionado a ciertos patrones de mestizaje (por ejemplo, un mayor riesgo de diabetes en personas con mezcla de nativoamericano y europeo, es decir, en las personas con ancestría "mexicana").<sup>57</sup> Asimismo, la oficina del censo de los Estados Unidos ha identificado a los hispanos/latinos como el grupo étnico con mayor crecimiento en todo el país.

Fernández cree que hay una motivación adicional: "Los latinos y los mestizos están de moda porque la disponibilidad de las muestras se traduce en la disponibilidad de datos". Añade: "la innovación no está en los métodos de la genómica computacional, sino en las muestras". Esto es, sin importar el tipo de mediaciones de la materia a la forma que experimenta el mestizo mediante los análisis computacionales, sólo las buenas muestras hacen buenos conjuntos de datos. El valor del mestizo del Inmegen, sobre todo para los intereses extranjeros, está justamente en esa transformación de la muestra en dato.

La Ley General de Salud de México (reformada en 2004) establece que, con el fin de proteger la soberanía genómica,<sup>58</sup> las muestras humanas recolectadas en territorio mexicano deben estar asociadas a un proyecto en marcha aprobado por una institución mexicana (a saber, Inmegen). Los permisos para que las muestras abandonen el territorio mexicano están sujetos a la aprobación del Inmegen, que fue diseñado como un centro nacional de referencia y como un órgano consultivo del gobierno federal, y la exportación debe cumplir con un arduo protocolo legal. Este proceso puede desalentar las inicia-

<sup>57</sup> Véase M. Montoya (*op. cit.*, 2011) para un análisis exhaustivo de la relación entre diabetes y ancestría mexicana en los Estados Unidos.

<sup>58</sup> R. Benjamin, "A lab of their own: Genomic sovereignty as postcolonial science policy", *Policy and Society*, 28 (4), 2009, pp. 341-355; E. Schwartz-Marín e I. Silva-Zolezzi, "The map of the Mexican's genome: Overlapping national identity, and population genomics", *Identity in the Information Society*, 3 (3), 2010, pp. 489-514.

tivas para tomar muestras y la potencial inclusión del mestizo mexicano en proyectos genómicos internacionales.<sup>59</sup> Pero, ¿qué mejor manera de acceder a las muy valoradas (y difícilmente asequibles) muestras de mestizos mexicanos que mediante los datos del PDGPM? En lo que queda de esta sección describo un proyecto conjunto en el que los datos del PDGPM —muestras de poblaciones indígenas y mestizas— desempeñan un papel clave. Como mostraré, el acceso a la información sobre los mestizos tiene implicaciones en el acceso a la información sobre muestras indígenas, lo que plantea varios problemas.

El mapeo del mestizaje (*admixture mapping*) es un método comúnmente usado para ubicar genes asociados a enfermedades en poblaciones mezcladas, en las cuales es necesario distinguir entre asociaciones potenciales que se deben a la ancestría y aquellas que se deben a haplotipos asociados a enfermedades.<sup>60</sup> Mientras que se requiere un gran número de AIM para discriminar entre ambos tipos de asociaciones (o para “la correcta subestructuración”)<sup>61</sup> con cierto grado de precisión, las series de SNP comerciales pueden usarse para extraer conjuntos de AIM que permitan a los investigadores inferir la ancestría en poblaciones mestizas.

En el año 2012 concluyó un proyecto multiinstitucional de diseño de un panel de 446 AIM útiles para el mapeo de mes-

<sup>59</sup> Esto no ha evitado que algunas muestras hayan sido enviadas al extranjero, conforme a ese protocolo legal, para proyectos específicos. Por otro lado, los grupos de investigación en otras instituciones (incluyendo hospitales estatales) cuyo trabajo precede a la creación del Inmegen, han continuado con el uso que habitualmente le daban a las muestras por ellos recolectadas. La investigación en muchos de esos casos es de carácter clínico (*e. g.* estudio de diabetes) y la naturaleza hospitalaria del centro de investigación garantiza el acceso a las muestras de sangre (*e. g.* pacientes y controles que acuden al hospital).

<sup>60</sup> X. Mao, A. Bigham, R. Mei *et al.*, “A genomewide admixture mapping panel for Hispanic/Latino populations”, *American Journal of Human Genetics*, 80 (6), 2007, pp. 1171-1178; A. Tandon, N. Patterson y D. Reich, “Ancestry informative marker panels for African Americans based on subsets of commercially available SNP arrays”, *Genetic Epidemiologic*, 35 (1), 2011, pp. 80-83.

<sup>61</sup> La explicación de esas técnicas para considerar la estructuración de las poblaciones puede encontrarse en la introducción. Este procedimiento permite a los investigadores relacionar los casos y los controles en función de su ancestría, lo que permite a su vez discriminar entre variantes genuinamente asociadas a enfermedades y asociaciones espurias producto de la subestructura.

tizaje y para establecer asociaciones entre haplotipos y enfermedades en poblaciones de América Latina.<sup>62</sup> El objetivo del proyecto fue crear una “infraestructura de datos” de utilidad no sólo para los mexicanos, sino también “para los latinos en todo el continente”.<sup>63</sup> El desarrollo de bases de datos que contengan subconjuntos suficientemente grandes pero seleccionados de AIM útiles para “corregir señales de asociación” permitirá “que cada investigador elija los AIM que quiere con base en su diseño experimental”,<sup>64</sup> ya sea la correlación a “fenotipos normales”, a asociaciones con enfermedades o a la corrección de la subestructura poblacional. En otras palabras, ese panel de AIM descontextualizará los datos sobre poblaciones mestizas en aras de facilitar su viaje, y al mismo tiempo permitirá su recontextualización para que sean usados en nuevos ámbitos de investigación.<sup>65</sup>

El panel incluye marcadores que estiman tres componentes ancestrales principales entre las poblaciones contemporáneas de América Latina (africano, europeo y nativoamericano) y puede distinguir poblaciones de diferentes regiones, lo que, de acuerdo con los autores, vuelve al panel seleccionado de AIM “ampliamente portátil a las poblaciones en todas las Américas”.<sup>66</sup> El Inmegén contribuyó con datos genotípicos de muestras derivadas de tres grupos indígenas: 25 mayas (sureste), 21 zapotecas (centro) y 22 tepehuanos (norte). Los datos de otras series de muestras de poblaciones indígenas (aymaras de Bolivia, quechuas de Perú y nahuas de México) derivaron de muestras y conjuntos de datos brindadas por colaboradores. Se usaron, además de esas seis poblaciones nativas americanas ancestrales, cuatro poblaciones del proyecto HapMap (CEU, TSI, YRI, LWK) y una de España.

<sup>62</sup> J. Galanter, J. Fernández-López, C. Gignoux *et al.*, “Development of a panel of genome-wide ancestry informative markers to study admixture throughout the Americas”, *PLoS Genetics*, 8 (3): e1002554, <doi:10.1371/journal.pgen.1002554>, 2012.

<sup>63</sup> J. Fernández, 19 de octubre de 2010.

<sup>64</sup> J. Fernández, 8 de octubre de 2010.

<sup>65</sup> S. Leonelli, “Packaging small facts for re-use: Databases in model organism biology”, en P. Howlett y M. Morgan, *How well do facts travel?: The dissemination of reliable knowledge*, Cambridge University Press, Nueva York, 2011, pp. 325-348.

<sup>66</sup> J. Galanter *et al.*, *op. cit.*

Una característica de la transformación material de las muestras en datos genotípicos es que éstos tienden a viajar en grupos.<sup>67</sup> Los datos de ancestría nativa americana “más informativos” se agrupan con datos de otras poblaciones ancestrales (no sólo las mexicanas). Así, al usar el panel de AIM para genotipar muestras de poblaciones mestizas y comparar las ancestrías estimadas con las que proveen los estudios de asociación del genoma completo (como los desarrollados por el PDGPM), se confirma el valor probatorio del panel. Este proceso de “validación”, como lo llaman los autores, es crucial para dotar al panel de utilidad no sólo para la genotipificación de mestizos mexicanos, sino también de mestizos en toda América Latina. En esa configuración material la identidad del mestizo, una vez más, es reafirmada por sus cualidades indígenas. Tal como lo expresa Fernández: “a veces pensamos en México dentro de las fronteras, pero esto [ese panel de AIM] debería funcionar para toda Latinoamérica”.<sup>68</sup>

De este ejemplo se pueden sacar dos conclusiones sociales. Primero, la existencia del mestizo en la nube informática facilitó una colaboración internacional y multiinstitucional que redundó en un artículo que vinculó a 46 autores, 28 instituciones y 10 países (Fernández apareció como segundo autor). Llama la atención el “*ethos* colaborativo” del proceso.<sup>69</sup> En vez de muestras, los colaboradores tienden a compartir datos. En el caso del Inmegen, el cuidado de las muestras y de los datos del PDGPM está separado. Pese a esa aparente separación, la cualidad de los datos (*i.e.* qué conjuntos de datos se consideran apropiados para ser usados) se evalúa de acuerdo con las condiciones en que las muestras fueron obtenidas y con las maneras en que se comportan estadísticamente. La existencia de consentimientos informados firmados y de información sobre los lugares en que se tomaron las muestras (*i.e.* ubicación

<sup>67</sup> S. Leonelli, *op. cit.*, 2011.

<sup>68</sup> 23 de septiembre de 2011. Esta afirmación me recuerda lo dicho por Leopoldo Zea en uno de sus últimas obras: “Las fronteras no se pueden ampliar ya más, todos están ya adentro [...] estamos viviendo en la gran frontera de América Latina llamada México” (L. Zea, “La frontera en la globalización”, en L. Zea y H. Taboada (eds.), *Frontera y globalización*, pp. 5-13, FCE, México, 2002, p. 13 [Tierra Firme]).

<sup>69</sup> S. Leonelli y R. Ankeny, “Re-thinking organisms: The impact of databases on model organism biology”, *Social Studies of Science*, 43, 2012, pp. 29-36.

geográfica) es importante para establecer la validez sobre la proveniencia de la muestra, tan importante como su ubicación estadística dentro de la población muestra (lo que Fernández llama "contexto"). Es decir, el conocimiento sobre los datos supone inevitablemente conocimiento sobre las muestras. Se conserva, así, una continuidad epistémica entre ellos.

La segunda conclusión es que la participación de los datos del PDGPM en la investigación sobre poblaciones mezcladas en las Américas tiene consecuencias para la biosociabilidad<sup>70</sup> del mestizo mexicano. El panel de AIM que resultó de ese esfuerzo colaborativo es visto como uno que provee "recursos útiles para explorar la historia de la mezcla de las poblaciones en América Latina y corregir los efectos potenciales de una subestructura poblacional en muestras mezcladas en la región".<sup>71</sup> La revista *PLoS Genetics* fue elegida para la publicación, dada su "filosofía de libre acceso y amplia difusión", que hace eco del propósito de que "el panel de los AIM se volviera un estándar abierto que pudiera ser usado por investigadores de todas las Américas en futuras investigaciones genéticas".<sup>72</sup>

Previamente confinado en los márgenes políticos de la nación, el mestizo ahora se dirige más allá de esos bordes y adquiere mayor representatividad: ya no es sólo mexicano sino latino o hispano. Igualar nacionalidad con "mesticidad" fue importante para reclutar donadores de sangre y para establecer un proyecto de investigación de corte nacionalista. Es cuando el mestizo alcanza la nube informática que su afiliación étnica se expande (y, en ese sentido, la categoría *mestizo* se desestabiliza) con el fin de participar en proyectos científicos transnacionales (véase el capítulo VII en este volumen).

## CONCLUSIÓN

Influida por el discurso nacionalista del siglo XX, la relación entre el *mestizo* y el *indígena* en el laboratorio del Inmegen se

<sup>70</sup> P. Rabinow, *Essays on the anthropology of reason*, Princeton University Press, Princeton, NJ, 1996.

<sup>71</sup> J. Galanter *et al.*, *op. cit.*, p. 4.

<sup>72</sup> Carta de los autores a los editores de *PLoS Genetics*, con fecha de 4 de enero de 2012.

construyó como una en la que el cuerpo del indígena contribuye con cualidades genéticas que hacen al mestizo un representante excepcional de la nación mexicana y un objeto excepcional para la investigación biomédica. He mostrado, concentrándome en las transformaciones del mestizo, que esto es verdad en cada fase del proceso de investigación: desde la toma de las muestras de sangre hasta la forma en que se comparten los datos. Las particularidades de la relación indígena/mestizo son expuestas como el motivo para considerar las muestras de sangre mestizas "patrimonio genómico", un bien nacional que debe ser celosamente protegido de la atención extranjera. Pero esas mismas particularidades hacen que los datos sobre el mestizo sean útiles para la investigación biomédica en toda América Latina, debilitando así la pantalla protectora del "patrimonio genético". De la colaboración del Inmegen con otras instituciones de investigación en todo el continente (sobre todo las de los Estados Unidos) sigue un esfuerzo concertado por atribuir al mestizo una identidad racial y étnica supranacional. Las series de transformaciones mediadas descritas en el presente capítulo, dejan espacio para esas nuevas y expandidas afiliaciones. Este nuevo episodio en la vida del mestizo mexicano contrasta con el discurso nacionalista inicial del Inmegen, cuando se proponía dispersar (desde el centro de México) un relato biomédico integrado sobre el mexicano, que puso los intereses de la nación sobre los intereses regionales, culturales o de los grupos étnicos.<sup>73</sup> La vida en el laboratorio del mestizo mexicano apunta en la dirección de su revisión identitaria bajo una lente científica de innegable significado social.<sup>74</sup>

<sup>73</sup> F. Mallon, *op. cit.*, 1995.

<sup>74</sup> Las ideas aquí expresadas son resultado de conversaciones e intercambios llevados a cabo con los miembros del equipo de investigación. Estoy en deuda con Jeanette Edwards, Darío Vasconcelos y Víctor Acuña. Agradezco especialmente a Ernesto Schwartz, quien me brindó un acceso inicial al campo, y a los investigadores y equipo del Inmegen (Irma Silva-Zolezzi, Juan Carlos Fernández, Fabiola Morales, Leticia Sebastián, Alejandra Contreras, Santos March, Alejandro Rodríguez, José Bedolla y Enrique Hernández Lemus) que amablemente permitieron que me entrometiera en sus ocupados días de trabajo e interrumpieron su cotidianidad para satisfacer mis inquietudes.