El resurgimiento del determinismo biológico en la era neoliberal

PANKAJ MEHTA :: 16/12/2014

La historia está plagada de ejemplos aterradores acerca del abuso de la teoría de la evolución para justificar la dominación y la desigualdad

Bienvenidos a una nueva era de determinismo biológico

Si usted quiere entender por qué los humanos se declaran la guerra, existe un gen para eso. ¿Cómo podemos comprender por qué los hombres violan a las mujeres? Existe un gen para eso. ¿Cómo se explican las diferencias de los "caracteres nacionales" del Extremo Oriente, Occidente y África? También sabemos qué genes se ocupan del asunto. De hecho, si hiciéramos caso de lo que dicen muchos medios de comunicación de masas, existe un gen para casi cualquier desigualdad e inequidad de la sociedad moderna.

El determinismo genético y su detestable primo, el darwinismo social, están de vuelta. Equipados con inmensas bases de datos genómicos y un profuso arsenal de técnicas estadísticas, un pequeño pero ruidoso grupo de científicos tiene la determinación absoluta de dar con la fundamentación genética de todo lo que somos y de todo lo que hacemos.

La relación existente entre la genética y el determinismo biológico es casi tan vieja como el propio campo de conocimiento. Al fin y al cabo, uno de los institutos de investigación genética modernos más prominentes, el Cold Spring Harbor Laboratory, empezó siendo un instituto eugenésico, cuyas actividades incluían "actuar como grupo de presión en favor de una legislación eugenésica para restringir la inmigración y esterilizar a los "defectuosos", educar a la población sobre salud eugenésica y propagar las ideas eugenésicas".

La última oleada de determinismo biológico es una continuación de esta larga tradición, pero con diferencias significativas en relación a los enfoques del pasado. Estamos en los albores de la era genómica; una era en la que los avances en biología molecular permiten medir de forma muy precisa las más diminutas diferencias genéticas entre humanos. Combinado con el hecho de que vivimos en una nueva *Gilged Age* en la que una reducida elite global tiene acceso a, y necesidad de justificación de, la posesión de cantidades ingentes de riqueza y poder, entonces las condiciones son harto propicias para un peligroso resurgimiento del determinismo biológico.

Los límites de la genética mendeliana y el abuso de los nuevos estudios de asociación del genoma completo

Hoy cuesta 5.000 dólares secuenciar un genoma identificando los seis millones de bases de Adenina, Citosina, Timina y Guanina [A, C, T, G] que definen el ADN de un individuo. En poco tiempo aún costará menos, mucho menos. Se nos dice que estamos en un momento completamente revolucionario. Con acceso franco a información genética detallada, los profesionales médicos y los expertos genetistas pronto podrán identificar qué enfermedades

estamos más predispuestos a contraer y ayudar a prevenirlas o a minimizar su impacto mediante la "medicina personalizada".

El conocimiento científico obtenido a partir de estos datos no tiene un valor incalculable. Estamos empezando a comprender cómo evolucionan los virus, las mutaciones genéticas que provocan cánceres y la base genética de la identidad celular. La revolución de la secuenciación nos ha permitido estudiar las bases moleculares de la regulación genética e identificar nuevos y asombrosos actores como el ARN no codificante y las modificaciones de la cromatina. Estamos reformulando todas las ideas recibidas acerca de la biología.

Uno de los resultados más sorprendentes de los nuevos estudios basados en la secuenciación tiene que ver con las similitudes entre humanos, puesto que cada uno de nosotros se diferencia del resto solamente en el 0,1% del ADN. Sin embargo, este 0,1% del genoma da lugar a las variaciones que vemos entre personas en rasgos como el color de la piel, la estatura y la propensión a enfermar. Un objetivo importante de la genética moderna consiste en tratar de relacionar una variante genómica particular con un rasgo o enfermedad concretos. Para ello, los científicos están desarrollando potentes herramientas estadísticas de nuevo cuño que permitan analizar una gran cantidad de datos de secuencias de poblaciones de todo el mundo.

No hay ninguna duda acerca de la existencia de una relación entre los genes y las características observables. Los padres altos tienden a tener hijos altos. Los padres de piel cobriza tienen hijos de piel cobriza. La idea de que los rasgos son hereditarios ha quedado bien establecida desde que Mendel codificara sus famosas leyes de la herencia, que infirió a partir de la observación estadística de más de 29.000 plantas de guisantes. En la genética clásica mendeliana distintos genes que codifican distintas características pasan a sus descendientes de forma independiente unos de otros. Por lo tanto, hay una clara correlación entre información genética o genotipo y rasgos observables o fenotipo. Un solo gen (técnicamente, un *locus* o ubicación de un gen concreto) codifica un rasgo único y no se ve afectado por los demás rasgos que una persona posea. Además, los factores ambientales tienen poca influencia sobre la mayoría de los rasgos mendelianos. La anemia falciforme y la fibrosis quística constituyen ejemplos bien conocidos de esto, cada una causada por una mutación en un gen concreto.

Sin embargo, ahora sabemos bien que los supuestos subyacentes a la genética mendeliana no son aplicables a la mayoría de los rasgos y enfermedades. Casi todos los fenotipos, desde la estatura y el color de los ojos a enfermedades como la diabetes, emergen de interacciones extremadamente complejas entre los genes múltiples (*loci*) y el medio ambiente. A diferencia de lo que ocurre con la genética mendeliana, donde puede identificarse fácilmente el gen que codifica un rasgo particular, para muchos rasgos no existe una correspondencia simple entre genotipo y fenotipo.

El ingente volumen de datos actualmente disponibles de la secuenciación del ADN ha llevado a muchos científicos a creer que hay un modo de lidiar con este problema. Para ello, están desarrollando nuevas herramientas científicas y estadísticas dirigidas a analizar y obtener información genética de los datos secuenciados. El objetivo de estos estudios de asociación del genoma completo (GWAS, en inglés) es proporcionar un modelo para

descifrar la información contenida en nuestro ADN e identificar las bases genéticas de enfermedades y rasgos complejos. Los GWAS constituyen un elemento básico de la moderna genética de poblaciones. Esto se refleja en el aumento astronómico de la cantidad de estudios de asociación del genoma completo publicados en la última década, que han pasado de cifras de un solo dígito en el año 2005 a superar los mil trescientos en la actualidad. Hay estudios GWAS sobre estatura, peso al nacer, enfermedad inflamatoria intestinal, cómo responden las personas a vacunas o fármacos concretos, cánceres, diabetes, enfermedad de Parkinson y muchos otros. En realidad, son tantos los GWAS en desarrollo que ha habido que crear herramientas visuales específicas para que asistan a los científicos y estos puedan hacerse una idea cabal de los resultados de todos estos estudios.

Dada la prevalencia creciente de los GWAS, es pertinente que expliquemos la base lógica subyacente a los mismos. Los conceptos de variaciones fenotípicas y genéticas juegan un papel central en los GWAS. La variación fenotípica se define como la variación de un rasgo en una población (como la distribución de la estatura en la población masculina en Estados Unidos). Obsérvese que para definir la variación fenotípica debe especificarse una población. Se trata de una preceptiva elección a priori en punto a construir un modelo estadístico. A menudo, la elección de la población constituye una importante fuente de sesgos, puesto que en los GWAS hay implícitos muchos supuestos de carácter social (esto resulta particularmente cierto en estudios que traten de comprender la variación genética entre grupos "raciales").

Los GWAS tratan de explicar estadísticamente la variación fenotípica observada en términos de la variación genética en la misma población.
Aquí es donde brilla con luz propia la genómica moderna. Mientras que en la era pre genómica había que realizar un trabajar ímprobo para medir la variación genética en un solo locus, ahora puede conocerse la variación genética de miles de personas mediante la consulta de datos públicamente accesibles de todo el genoma. La mayoría de GWAS se centran en polimorfismos de nucleótido único (SNPs, en inglés): variaciones de la secuencia de ADN que ocurren en una sola base en el genoma (*e.g.* AAGGCT *vs.* AAGTCT). Los científicos han observado aproximadamente 12 millones de SNPs en poblaciones humanas. Esta cifra puede parecer increíblemente grande, pero en el ADN humano hay 6.000 millones de bases. De modo que, de todas poblaciones humanas de las que se han tomado muestras, sólo un 0,2% de las bases de ADN exhiben diferencias entre todas las poblaciones estudiadas en muestras. Para un rasgo como la estatura, hay cerca de 180 SNPs conocidas que pueden coadyuvar a la variación de la altura en los humanos.

El propósito de los GWAS es relacionar la variación genotípica con la variancia fenotípica. A menudo esto se expresa mediante el concepto de *heredabilidad*, que busca la partición de la variancia fenotípica en un componente genético y un componente medioambiental. Hablando llanamente, la heredabilidad se define como la fracción de la variación fenotípica que podemos atribuir a la variación genética. Una heredabilidad igual a cero significa que toda la variancia fenotípica es medioambiental, mientras que una heredabilidad igual a uno significa que es por completo genética.

Tras el concepto de heredabilidad subyace todo un mundo de supuestos simplificadores acerca de cómo funciona la biología y de cómo interactúan los genes y el entorno, todo ello

mediado por un sinfín de modelos estadísticos complicados y obtusos. La heredabilidad depende de las poblaciones elegidas y de los ambientes analizados en los experimentos. Incluso la distinción entre medio ambiente y genes es hasta cierto punto artificiosa. Como señala Richard Lewontin:

"La relevancia misma de la naturaleza física del medio ambiente viene determinada por los propios organismos (…). Una bacteria que vive en un líquido no siente la gravedad puesto que es muy pequeña (…) pero su tamaño está determinado por sus genes, de modo que la diferencia genética que hay entre nosotros y la bacteria es lo que determina que la fuerza de la gravedad sea relevante para nosotros".

Todo esto sirve para decir que, aunque la heredabilidad sea un concepto útil, no deja de ser una abstracción que depende por completo de los modelos estadísticos que utilizamos para definirla (con todos sus supuestos y prejuicios subyacentes).

En este sentido, incluso para un rasgo fuertemente heredable como la estatura, el medio ambiente puede cambiar de forma drástica los rasgos observados. Piénsese en el ejemplo ocurrido durante la guerra civil guatemalteca, en la que escuadrones de la muerte y paramilitares apoyados por Estados Unidos atacaron con extrema brutalidad la población rural indígena de Guatemala, dando como resultado una malnutrición generalizada. Muchos mayas huyeron a Estados Unidos para escapar de la violencia. Al comparar las estaturas de niños mayas de Guatemala y niños mayas de Estados Unidos de entre seis y doce años de edad, los investigadores hallaron que los estadounidenses eran 10,24 centímetros más altos que sus tocayos guatemaltecos, en gran parte debido a la nutrición y al acceso a la atención médica. En serio contraste con esto, el gen que se considera que más influye en la estatura, el gen del factor de crecimiento GDF5, se asocia con cambios en la estatura de sólo 0,3 a 0,7 centímetros, y esto solamente para individuos de ascendencia europea.

Esta influencia medioambiental tan significativa es algo muy común. Por ejemplo, la heredabilidad de la diabetes de tipo II, ajustada a la edad y al Índice de Masa Corporal (IMC), se considera que conllevaría una variabilidad de entre un 0,5% y un 0,75% (algo menos que en el caso de la estatura pero, como va dicho, estas cifras deben tomarse con muchas cautela). Actualmente, los GWAS llegan a explicar apenas un 6% de esta heredabilidad, sin *loci* (genes) que permitan predecir de forma concreta si un individuo desarrollará diabetes. A diferencia de la escasa fiabilidad de los factores genéticos, un IMC poco saludable –la simple medición del sobrepeso de una persona– aumenta las probabilidades de desarrollar diabetes casi ocho veces.

Lo mismo vale para el coeficiente de inteligencia (CI), que constituye un elemento básico para los estudios sobre "inteligencia". Dejando al margen por un momento la discusión acerca de la validez de los tests que miden el CI, los estudios muestran un largo y sostenido aumento en las puntuaciones de CI durante el siglo XX (el llamado efecto Flynn), revelando así la enorme importancia de la influencia entorno en comparación con la de la genética en la determinación del CI.

La esquizofrenia es otro ejemplo de esto. En su excelente blog *Cross-Check*, John Morgan analiza el gen CMYA5, que la prensa de difusión masiva ha publicitado como "gen de la esquizofrenia". Morgan señala que si usted es portador de este gen, el riesgo que tiene de

desarrollar esquizofrenia aumenta entre un 0,07% y un 1,07%. En cambio, "si usted tiene un pariente de primer grado con esquizofrenia, como un hermano, tiene una probabilidad de un 10% de ser esquizofrénico, que es 100 veces mayor al riesgo añadido de tener el gen CMYA5". Este tipo de resultados no son episódicos. Toda el área de conocimiento está sumida en una seria preocupación acerca de la escasa capacidad predictiva de los GWAS (a menudo analizada en el contexto del problema de la "heredabilidad ausente").

La hoja de ruta del determinista genético

A pesar del limitado éxito de los GWAS, hay serias dudas de que los vientos que excitan las tesis del determinismo genético amainen en el futuro cercano. La principal razón radica en el ingente volumen de nuevos datos genéticos que se generan sin cesar. Este alud de datos es el sueño húmedo de los deterministas biológicos. Si alguien cree que estoy exagerando, vean la siguiente cita tomada de un estudio reciente sobre "la arquitectura genética de las preferencias económicas y políticas" publicado en PNAS, una revista científica de primer nivel. De forma en absoluto sorprendente, los SNPs que identifican "explican sólo una pequeña parte de la variancia total".
Pero lejos de desanimarse, los autores concluyen el resumen de su trabajo con un comentario optimista:

"Estos resultados sugieren un mensaje de prudencia acerca de la posibilidad, el modo y el plazo en que los datos de la genética molecular puedan contribuir a –y potencialmente transformar– la investigación en ciencia social. Proponemos algunas respuestas constructivas a los desafíos inferenciales que nos plantea el escaso poder explicativo de los SNPs individuales".

La arrogancia desmedida habla por sí misma. La dificultad inherente al uso de los GWAS para explicar la estatura –un rasgo fácilmente medible y cuantificable– hace muy patente la absurdidad de sostener la necesidad de identificar las bases genéticas de rasgos mal definidos, temporalmente variables y de difícil cuantificación como la inteligencia, la agresividad o las preferencias políticas.

A pesar de eso, la hoja de ruta del determinista genético en la era genómica es clara: obténganse cantidades masivas de datos de secuencias genéticas. Hállese un rasgo mal definido (como la preferencia política). Hállese un gen que está estadísticamente sobrerrepresentado en la subpoblación que "posee" el rasgo. Declárese victoria. Ignórese el hecho de que los genes en realidad no explican la variancia fenotípica del rasgo. En lugar de eso, dígase que si se dispusiera de más datos las estadísticas darían en el blanco. A partir de aquí, generalícense estos resultados al plano de análisis agregado de las sociedades y sosténgase que explican las bases genéticas fundamentales del comportamiento humano. Redáctese una nota de prensa y espérese a que los medios de comunicación publiquen llamativas noticias. Repítase el proceso con otro conjunto de datos y con otro rasgo.

La importancia de las propiedades emergentes para entender los sistemas complejos

El determinismo biológico parece plausible precisamente porque ofrece la ilusión de que se basa en la observación científica. Ningún científico pone en duda el hecho de que los

elementos constitutivos más básicos de un organismo están codificados en su material genético y que la evolución ha dado forma a esos genes mediante algún tipo de combinación de variabilidad y selección genéticas. Pero tratar de atribuir el comportamiento humano, ya sea comerse una bolsa entera de patatas fritas o declarar la guerra, a un conjunto de genes constituye un ejercicio claramente quijotesco.

Nigel Goldenfeld y Leo Kadanoff realizan una sensata exhortación en un bonito artículo en el que analizan sistemas complejos: "Hay que utilizar el nivel de descripción más adecuado para captar los fenómenos que son de nuestro interés. No tiene sentido realizar modelos de máquinas excavadoras con quarks". Aun cuando es cierto que todas las propiedades de una máquina excavadora son el producto de las partículas que la constituyen, como quarks y electrones, es inútil pensar acerca de las propiedades de una excavadora (forma, color, función) en términos de esas partículas. La forma y función de una máquina excavadora son propiedades emergentes del sistema en su conjunto. Del mismo modo que no pueden reducirse las propiedades de una excavadora a las de los quarks, tampoco pueden reducirse los complejos comportamientos y rasgos de un organismo a sus genes. Marx sostuvo lo mismo cuando dijo que "a partir de cierto punto, las diferencias meramente cuantitativas pasan a constituir cambios cualitativos".

Si las bases filosóficas y científicas de las tesis del determinista genético son tan problemáticas, ¿por qué un tipo de pensamiento tan desaliñado recibe la recompensa de artículos de primera plana en la sección científica del *New York Times*?

La instrumentalización neoliberal del determinismo biológico

Vivimos en una era en la que las grandes empresas obtienen beneficios sin precedentes, una pequeña elite acumula enormes cantidades de riqueza y la desigualdad alcanza niveles próximos a los de la *Gilged Age*.
Las contradicciones existentes entre el capitalismo neoliberal y los impulsos democráticos se ponen en evidencia de forma incesante. Las demandas de igualdad de oportunidades que subyacen a buena parte del pensamiento liberal se tornan una farsa. La incongruencia entre lo que profesa el capitalismo y la cruda realidad del mismo es cada vez más evidente.

El atractivo del determinismo biológico radica en que ofrece explicaciones científicas plausibles para dar cuenta de las contradicciones civilizatorias engendradas por el capitalismo. Si la diabetes de tipo II se reduce a un problema genético (lo cual hasta cierto punto es cierto), entonces ya no tenemos que pensar acerca del aumento de la obesidad y de sus causas subyacentes, esto es: el monopolio empresarial privado del sector agroalimentario, la desigualdad en los ingresos de la ciudadanía y las diferencias de clase en relación a la calidad de los alimentos consumidos. Combínese esto con la prevalencia de la medicalización que está impulsando la industria farmacéutica para el tratamiento de todo tipo de enfermedades, y nadie deberá sorprenderse de que al final nos quedemos con la impresión de que los fenómenos sociales complejos pueden reducirse a un hecho científico simple.

Parafraseando al gran crítico literario Roberto Schwarz, el determinismo biológico es una ilusión socialmente necesaria bien fundada en la mera apariencia. A semejanza del arte y la literatura, la ciencia "se ha conformado históricamente y (…) refleja el proceso social al que

debe su propia existencia". Los científicos heredan los prejuicios de las sociedades en las que viven y trabajan. En ningún otro lugar esto resulta más evidente que en la encarnación moderna del determinismo biológico con sus supuestos decididamente neoliberales acerca de los humanos y las sociedades.

La historia está plagada de ejemplos aterradores acerca del abuso de la genética (y de la teoría de la evolución) para justificar la dominación y la desigualdad: las justificaciones evolutivas de la esclavitud y el colonialismo, las explicaciones científicas de la violación y el patriarcado y las explicaciones genéticas de la superioridad inherente de la elite gobernante. Debemos trabajar sin descanso para asegurarnos de que la historia no vaya a repetirse en la era genómica.

Jacobin. Traducción para sinpermiso.info de: Jordi Mundó

---

https://www.lahaine.org/mundo.php/el-resurgimiento-del-determinismo-biologico