




# (Neo)Determinismo y reducción explicativa en investigaciones epigenéticas en torno a lo humano y sus implicancias biopolíticas

(Neo)Determinism and explanatory reduction in epigenetic surveys on human nature and its biopolitical implications

 Manuel Ignacio Stefanini<sup>1,2\*</sup> |  Ana Liza Tropea<sup>3</sup> |  Nicolás José Lavagnino<sup>4</sup>

## REVISTA ARGENTINA DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA

Volumen 26, Número 2, Artículo 086  
Julio -Diciembre 2024

Editado y aceptado por el editor asociado Bernardo Yañez, Dirección de Antropología Física, Instituto Nacional de Antropología e Historia, México.

\*Correspondencia a: Manuel Ignacio Stefanini, Laboratorio de Ecología Evolutiva y Biología Floral, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, Avenida Velez Sarfield 1666 (5016), Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.  
E-mail: [nachostefanini@gmail.com](mailto:nachostefanini@gmail.com)

RECIBIDO: 16 de Febrero de 2024

ACEPTADO: 26 de Agosto de 2024

PUBLICADO: 18 de Octubre de 2024

<https://doi.org/10.24215/18536387e086>

Financiamiento: No se contó con financiamiento en este trabajo FOSEC.

e-ISSN 1853-6387

<https://revistas.unlp.edu.ar/raab>

Entidad Editora  
Asociación de Antropología Biológica  
Argentina

**1)** Laboratorio de Biología Integral de Sistemas Evolutivos, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. **2)** Laboratorio de Biología Floral y Ecología Evolutiva, Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. **3)** Grupo de Investigación en Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. **4)** Grupo de Filosofía de la Biología, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina

## Resumen

La epigenética como campo disciplinar de consolidación reciente, al estudiar lo humano trajo consigo promesas de superación del determinismo y la reducción explicativa propios de la corriente gen-centrista de la genética. Sin embargo, al analizar las características epistemológicas del abordaje epigenético de lo humano, dichas promesas parecen no haberse cumplido. El borramiento del límite naturaleza/crianza habilita un tipo particular de determinismo cuyo alcance en términos biopolíticos se inscribe en el control de los comportamientos posibles. Se profundiza así el grado de intervención de la vida humana, al mismo tiempo que se actualizan aquellos tipos de normalización biopolítica legitimados desde la genética a lo largo del siglo XX. *Rev Arg Antrop Biol* 26(2), 086, 2024. <https://doi.org/10.24215/18536387e086>

Palabras Clave: herencia epigenética; centrismo del gen; dualismo causal epigenoma-ambiente; normalización biopolítica; biopolítica epigenética

## Abstract

By studying human nature, the epigenetic -a disciplinary field of recent consolida-

tion- has brought about promises of overcoming determinism and explanatory reduction, which are characteristic of the gene-centric current of genetic. However, when analyzing the epistemological characteristics of the epigenetic approach to human nature, these promises do not seem to have been fulfilled. The blurring of the nature/nurture boundary enables a particular type of determinism whose scope, in biopolitical terms, is inscribed in the control of possible behaviors. Thus, the degree of intervention in human life is deepened, while the biopolitical practices enabled by genetics throughout the 20th century remain. *Rev Arg Antrop Biol* 26(2), 086, 2024. <https://doi.org/10.24215/18536387e086>

Keywords: epigenetic heredity; gene-centrism; causal dualism epigenome-environment; biopolitical normalization; biopolitics epigenetics

Diferentes campos disciplinares de la biología han sido contruidos desde perspectivas tanto reductivas como deterministas (di Pasquo *et al.*, 2017; Folguera y Pallitto, 2018; Fox Keller, 1995, 2000; Kaiser, 2011; Lavagnino *et al.*, 2018; Lewontin, 2000, 2001; Lewontin *et al.*, 1984; Sarkar, 1998). Entre ellos, la genética en sentido amplio (genética clásica, genética molecular, genómica) y la biología evolutiva han asumido dichas características epistemológicas en sus programas de investigación (Lewontin, 2000; Lewontin *et al.*, 1984). En este contexto, ha sido planteado que los diferentes campos que abordan aspectos genéticos de lo vivo se basan en un *centrismo del gen* (Fox Keller, 2000; Griffiths, 2017; Stotz, 2006). Si bien la idea de gen al centro no sería sinónimo de reducción, puede ser entendida en dichos términos en la medida en que se asume que los fenómenos estudiados en niveles superiores pueden ser explicados a partir de las entidades del nivel genético, los genes, y las teorías relacionadas (Hüttermann y Love, 2011; Kaiser, 2011; Sarkar, 1992). Desde la Teoría Sintética de la Evolución (TSE), se propone que todo el cambio evolutivo puede explicarse por cambios en las frecuencias de las variantes genéticas de las poblaciones (Dobzhansky, 1951), que la variación observada entre especies tiene origen genético (Mayr, 1942) y que el surgimiento de todos los niveles de las jerarquías biológicas es, en última instancia, consecuencia de cambios en el ámbito genético (Simpson, 1953). Este, y otros componentes de dicho marco teórico, han llevado a numerosos autores a proponer que la TSE se organizó en torno a un importante componente reductivo (ver por ejemplo Eldregde, 1985; Folguera y Lombardi, 2012).

En el ámbito del estudio de fenómenos humanos, los marcos interpretativos de la genética y de la TSE se estructuraron en torno a una fuerte mirada dualista encarnada en la clásica dicotomía naturaleza/crianza o naturaleza/ambiente (Gould, 2006; Schaeffer, 2009), entendiendo aquí al ambiente como el contexto de los organismos en un sentido amplio (e.g. incluyendo individuos humanos, contextos socio-culturales, económicos así como también el clima, la geografía del territorio, etc). Así, el determinismo y la reducción propios de estas disciplinas organizaron explicaciones de fenómenos humanos complejos a partir de patrones y procesos propios del dominio de la naturaleza, reduciendo por un lado la complejidad fenoménica humana a dicho polo de la dicotomía y, por otro lado, atribuyendo al genoma y su variación heredable una condición de determinismo inexorable en la expresión de los fenotipos (Lewontin *et al.*, 1984). Se suma lo que Fox Keller (1995) denominó "discurso de acción de los genes", según el cual todo lo que se puede

comprender acerca de los seres vivos se encuentra contenido en la secuencia de ADN. En estas lógicas se incluyen los más variados aspectos de lo humano como comportamientos (ver por ejemplo Pallitto y Folguera, 2018; Pallitto *et al.*, 2015), salud y enfermedad (ver por ejemplo Lavagnino *et al.*, 2018; Martinhago *et al.* 2019), raza, sexualidad y reproducción (Lewontin *et al.*, 1984; Rose, 2012; Rose y Rose, 2019), entre otros.

En este contexto de hegemonía gen-centrista, resurge el interés por la epigénesis en el seno de la genética. Si bien el término epigénesis ha sido, y aún sigue siendo polisémico, en un sentido amplio se entiende como el hecho de que los organismos crecen y se desarrollan a lo largo de sus vidas en interacción permanente e indisoluble con su ambiente (Wessel, 2009). Como consecuencia, todos los rasgos anatómicos, fisiológicos, comportamentales, etc. de los organismos serán el resultado de este complejo proceso de desarrollo ontogenético. En un sentido más estricto, epigénesis comienza a referir a un tipo específico de teorías acerca de cómo el ambiente actúa sobre el genoma, y la manera en que modifica el programa genético individual del desarrollo en la naturaleza, introduciendo cambios reversibles y parcialmente heredables (Demarest, 2022; Wessel, 2009). Hacia mediados del siglo XX, la epigénesis como fenómeno natural y como conjunto de explicaciones teóricas, dio origen a la epigenética como campo disciplinar. Aquí, el agente causal de los cambios en los organismos es desplazado desde el ADN hacia el epigenoma, el cual se encuentra abierto en cierto grado a señales del ambiente externo a los organismos (Griffiths, 2017). De esta manera se le otorga al ambiente un novedoso rol epistémico dentro de la ciencia moderna. Si bien la narrativa epigenética, especialmente en el ámbito humano, aun se articula con las explicaciones provenientes de la genética, su concepción y complejización del escenario hereditario de la variación biológica y la base empírica utilizada para estudiarlo permitieron que este campo mantenga su relativa autonomía (Deichmann, 2016; Jablonka y Lamb, 2002, 2014).

Desde el análisis epistemológico, muchos autores han revisado los marcos explicativos de la epigenética y han puesto en debate si este discurso permite superar o no las formas reductivas y deterministas de las diversas explicaciones genéticas (Dupras *et al.*, 2019). Por ejemplo, Chung *et al.* (2016) plantean que:

Al prometer repudiar el determinismo genético y el reduccionismo, y abrir las bio-ciencias a colaboraciones que incorporen totalmente el matiz y la complejidad de las estructuras y relaciones sociales y sus consecuencias para la salud, el bienestar, la productividad y la satisfacción con la vida, la epigenética aparece como una oportunidad única (...) (p. 181).

Por el contrario, Waggoner y Uller (2015) argumentan que el discurso epigenético operaría como una actualización del *centrismo del gen* y el determinismo genético, ya que el genoma sigue siendo el agente causal rector de los procesos biológicos, incluidos los epigenéticos. Otros autores señalan la existencia de un tipo de determinismo en las explicaciones epigenéticas con características que lo diferenciarían del determinismo genético clásico. Lock (2013) afirma que los saberes en torno a lo humano producidos desde la epigenética conducen a un nuevo ciclo de determinismo y reducción, ahora de tipo somático, debido a que las explicaciones causales de fenómenos de variada índole como la raza o las desigualdades sociales siguen siendo confinadas al nivel molecular, con un rol novedoso en la herencia transgeneracional. En este sentido, Niewöhner (2011) plantea que:

En algunas de las investigaciones epigenéticas actuales, se están haciendo esfuerzos para *operacionalizar* instancias de cambio social de acuerdo con criterios tomados de la práctica de la investigación de la biología molecular, lo que resulta en una molecularización de la biografía y el medio ambiente (p. 291).

Siguiendo esta línea, Meloni y Testa (2014) argumentan que una de las mayores novedades en epigenética es la *molecularización* del ambiente y de los factores sociales al vincularlos directamente, mediante una lógica causal, al epigenoma. Escriben: “es a través de la representación digital de lo ambiental, de lo social o de aspectos biogeográficos del entorno que los perfiles epigenómicos permiten una comprensión molecular, y a veces experimentalmente manejable, de los seres vivos” (p. 447).

Las descripciones y explicaciones genéticas y evolutivas no son conocimientos que se producen y circulan únicamente en ámbitos académicos y científicos. Desde el siglo XIX y a lo largo del siglo XX, distintos conocimientos producidos por las ciencias de la vida han sido utilizados en dispositivos biopolíticos (Alvarez Pelaez, 2005; Sibilia, 2005). El determinismo y la reducción han sido condición necesaria para la articulación entre conocimiento biológico y normalización biopolítica. Lewontin, *et al.* (1984) argumentan, para el caso del comportamiento humano, que dicha articulación opera estableciendo nexos causales secuenciales: “Los fenómenos sociales son la suma de los comportamientos de los individuos”, “los comportamientos pueden ser tratados como objetos y estos tienen una ubicación concreta en el cerebro de los individuos”, “las propiedades reificadas pueden ser medidas con algún tipo de escala de modo que los individuos pueden ser clasificados según la cantidad que de ellas poseen”, “pueden establecerse pautas para las propiedades de la población: las desviaciones de la norma por parte de cualquier individuo son anomalías que pueden denotar problemas médicos por los que el individuo debe ser tratado”.

Para inicios de la década de 1980, Lewontin *et al.* señalaban el nexo entre prácticas normativas y la forma genética del determinismo biológico, cuya máxima expresión en el ámbito de lo humano era la sociobiología. En este punto, resulta interesante preguntarse si existe entre los conocimientos genéticos y los epigenéticos una continuidad en cuanto a su rol legitimador de prácticas biopolíticas. En el marco de esta reflexión, Meloni y Testa (2014) señalan que existe una enorme expectativa puesta en la epigenética en términos de política social y salud pública. La epigenética molecular puede producir cambios conceptuales significativos en las aplicaciones de los hallazgos biológicos a las estrategias de política social, debido a que se establece una nueva relación entre eventos biológicos y sociales, donde lo social asume un papel causal en la configuración de la biología humana en un grado nunca antes visto (*ib.*). Por su parte, Mansfield (2012) acuñó el término biopolítica epigenética para referirse a “un cambio de amplio alcance en la forma en que la vida (la naturaleza, los cuerpos, la biología y el medio ambiente) se entiende, pero también se controla y se gobierna” (p. 354).

En este trabajo nos proponemos analizar la articulación entre los conocimientos epigenéticos acerca de ciertos fenómenos humanos y la implementación de prácticas normativas mediante dispositivos biopolíticos. Hipotetizamos que los conocimientos producidos por la epigenética, aún con algunas características epistemológicas diferenciadas, no han escapado al rol legitimador de prácticas normativas. Para ello, identificaremos y caracterizaremos, en primer lugar, posibles estrategias reductivas y deterministas en el campo epigenético humano, preguntándonos si el discurso epigenético permite superar en algún grado las explicaciones reductivas y deterministas sobre lo humano que se ad-

judicaron históricamente a la genética. Luego, a partir de la discusión de casos conocidos de prácticas biopolíticas que articulan con conocimientos epigenéticos, analizaremos si efectivamente nos encontramos frente a nuevas formas de intervención y administración de la vida humana. Finalmente, indagaremos cómo las razas no blancas parecen constituirse en el blanco predilecto de prácticas biopolíticas legitimadas por la epigenética.

## Epigenética como campo del conocimiento científico

Actualmente, la epigenética es un campo disciplinar de las ciencias biológicas que investiga específicamente los mecanismos por los cuales se introducen cambios estructurales, organizacionales y químicos reversibles de la cromatina, en particular de histonas y otros componentes que no tienen un impacto directo en la secuencia de ADN (Deichmann, 2016; Felsenfeld, 2014; Haig, 2011). Este abordaje se organiza en torno a una concepción más restringida del *fenómeno epigenético* que la noción de epigénesis presentada previamente, dado que lo circunscribe exclusivamente al nivel genético-molecular, lo que indicaría un origen relativamente reciente del campo. En términos históricos, en 1942 el embriólogo Conrad Waddington introduce el término *epigenética* en la biología moderna definiéndola como “la totalidad del complejo procesual del desarrollo que existe en la interfase entre el genotipo y el fenotipo” (Waddington, 1942, p.10). Al inscribirse en el marco conceptual y fenomenológico del desarrollo concebido desde la genética y la biología molecular de mediados del siglo XX, la epigenética fue una dimensión relevante sólo en organismos multicelulares (Deichmann, 2016). Hacia 1960, la investigación de los mecanismos regulatorios del desarrollo a nivel molecular originó dos vertientes de estudio separadas: el estudio del patrón de metilación de la secuencia de ADN y las modificaciones químicas de histonas. A partir de 1990 estas líneas de investigación comenzaron a dialogar entre sí fusionándose en investigaciones sobre modificaciones químicas en la estructura y dinámica de la cromatina que pasaron a presentarse bajo la denominación epigenética (ib.).

Si bien surgieron numerosos intentos por dar con una definición precisa y consensuada del campo (Felsenfeld, 2014), el término epigenética se tornó plural en sus referencias. Riggs *et al.* (1996) la definen como el estudio de los cambios mitóticos y meióticos hereditarios en los genes, mientras que Bird (2007) delimitó el ámbito de estudio epigenético a la adaptación estructural de las regiones cromosómicas de forma tal de registrar, etiquetar o perpetuar estados de actividad génica alterados. Más allá de sus diferencias, estas definiciones destacan un factor novedoso: el fenómeno epigenético pasó a tener una propiedad, su *heredabilidad*. Es decir, se reconoció por primera vez el hecho de que el patrón de metilación y/o modificación de histonas presente en células de la línea germinal podía heredarse verticalmente (progenitores a descendientes), lo que desencadenó múltiples estudios, hipótesis y modelos acerca de esta nueva forma de herencia (Deichmann, 2016). El esfuerzo de investigación en estos temas fue expandiéndose al mismo tiempo que se crearon revistas especializadas para publicar resultados específicos, y creció el número de simposios, conferencias y talleres de investigación de epigenética (Haig, 2011). Según Deichmann (2016), el campo mostró un crecimiento drástico a partir del año 2000 y aún sigue en alza. Estos nuevos espacios permitieron la consolidación y permanencia de la epigenética como campo específico del conocimiento científico y su expansión hacia diferentes áreas, al evidenciarse relaciones entre el fenómeno epigenético, los procesos del desarrollo, los procesos evolutivos y fenómenos propios de lo humano.

Durante su consolidación disciplinar, algunos investigadores destacaron la contribu-

ción de la epigenética a la superación del determinismo y reducción propios de los enfoques genéticos y evolutivos clásicos (e.g. Jablonka y Lamb, 2002, 2007; Resnik y Vorhaus, 2006), mientras que otros continúan siendo reacios de aceptar a la epigenética como una nueva ciencia revolucionaria (e.g. Bird, 2013; Diechmann, 2016; Felsenfeld, 2014; Meloni y Testa, 2014). Respecto al determinismo, Resnik y Vorhaus (2006) proponen a los mecanismos y procesos epigenéticos de tipo funcional como ruptura con un determinismo genético fuerte:

Hay varias razones por las cuales un determinismo genético fuerte resulta ser raro. (...) el desarrollo (o epigénesis) tiene un impacto significativo en la expresión génica; es decir, en cómo los organismos convierten la información genética en rasgos. Debido a que los patrones y procesos de desarrollo influyen en la expresión génica, dos organismos con genomas idénticos y ambientes sustancialmente similares aún pueden expresar fenotipos diferentes (p. 4).

Más allá de este sentido funcional, en uno de sus trabajos sobre herencia epigenética desde una perspectiva evolutiva, Jablonka y Lamb (2002) plantean que existiría una superación de la herencia centrada en el gen:

(...) el reconocimiento de que existen sistemas de herencia epigenética a través de los cuales se pueden transmitir variaciones no ligadas al ADN en linajes celulares y organismos, amplía el concepto de herencia y desafía la versión canónica gen-centrada y neo-darwiniana del darwinismo (p. 82).

Por supuesto, entre los objetivos de la epigenética se incluye abordar lo humano y se han realizado promesas de tono superadoras, abundando las publicaciones que tratan con cierto optimismo diversas áreas de discusión del tema (Dupras *et al.*, 2019). Por ejemplo, Jablonka y Lamb (2007) plantean que:

La incorporación de un concepto más amplio de herencia en el pensamiento evolutivo puede también ayudar a quitar algunos prejuicios sociales de los científicos acerca de las interpretaciones biológicas de las conductas y de las sociedades humanas. En un futuro, un biólogo necesitará ser más como un científico social y un científico social necesitará ser más como un biólogo (p. 391).

### **Construcción de conocimiento epigenético en torno a lo humano: estresores sociales y marcas epigenéticas**

Las publicaciones analizadas en esta sección son investigaciones cuyo objetivo fue probar que las tragedias sociales provocan efectos epigenéticos sobre determinadas características individuales de las personas, y que estos rasgos son transmitidos epigenéticamente entre generaciones. Dichas investigaciones definieron como estresores psicosociales extremos a grandes tragedias sociales como: la guerra y la violencia extrema contra mujeres en la República Democrática del Congo en 2010 (Mulligan *et al.*, 2012), el genocidio de la etnia Tutsi en Ruanda en 1994 (Perroud *et al.*, 2014), el Holocausto del pueblo judío en la primera mitad del siglo XX (Shirira *et al.*, 2017; Yehuda *et al.*, 2016), la violencia interpersonal contra mujeres en Brasil (Serpeloni *et al.*, 2017) y los campos de

prisioneros durante la guerra civil en EE. UU. (1861) (Costa *et al.*, 2018). Si bien los diseños experimentales y metodologías utilizadas en estas investigaciones difieren entre sí, en su mayoría cuantifican algún tipo de patología psiquiátrica, en pocos casos patologías físicas, en personas que han sobrevivido a situaciones de violencia extrema y en sus descendientes. También cuantifican caracteres biológicos como la metilación de ciertos genes y los niveles de neurotransmisores, o de receptores de los mismos. Esto es luego comparado con personas demográficamente similares (i.e., personas de un mismo origen étnico, edad similar, mismo género, etc.) pero cuyos antepasados no sufrieron situaciones de violencia social extrema. En los estudios fueron incluidas las díadas madres embarazadas - hijos (Mulligan *et al.*, 2012; Perroud *et al.*, 2014) o madres-hijos (Costa *et al.*, 2018; Yehuda *et al.*, 2016), y en el trabajo de Serpeloni *et al.* (2017) se analizó hasta la tercera generación, es decir, hasta los nietos de las mujeres víctimas de violencia. En algunas de las investigaciones se evalúa si los estresores psicosociales extremos actuando en el útero materno impactan sobre características de hijos y nietos a través de la transmisión intergeneracional de la metilación de genes de estrés, mientras que en otros no se evalúa directamente estrés materno en el útero sino transmisión del trauma por fuera de dichos efectos maternos.

Todas estas investigaciones proponen que la exposición de personas a grandes tragedias sociales produce en la generación inicial (G0) problemas de salud mental en la forma de Trastorno de Estrés Postraumático (TEPT) y metilación diferencial (marcas epigenéticas) de las regiones regulatorias de genes que habitualmente son vinculados con estrés y trauma, por ejemplo los genes *NR3C1* (Mulligan *et al.*, 2012; Perroud *et al.*, 2014) y *FKBP5* (Yehuda *et al.*, 2016), involucrados en el metabolismo de glucocorticoides. Luego, en las siguientes generaciones, ya en la ausencia del factor ambiental estresante, la descendencia de aquellas personas expuestas a una tragedia social heredan la metilación de los genes de estrés asociada al TEPT y en consecuencia tienen mayores probabilidades de desarrollarlo (Mulligan *et al.*, 2012; Perroud *et al.*, 2014; Serpeloni *et al.*, 2017; Yehuda *et al.*, 2016), como así también mayor mortalidad (Costa *et al.*, 2018) o tasas mayores de envejecimiento (Shirira *et al.*, 2017). Dichos trabajos concluyen que la herencia de marcas epigenéticas es la base biológica de una transmisión intergeneracional de las patologías mencionadas en aquellas sociedades que sufrieron situaciones severas de violencia. Al respecto, Perroud *et al.* (2014) señalan:

En conclusión, nuestro estudio muestra que la actividad anormal del eje hipotalámico-pituitario-adrenal (HPA) puede desempeñar un papel central en la fisiopatología del trastorno de estrés postraumático y la depresión; y que los mecanismos subyacentes a estas disfunciones, incluidas las modificaciones epigenéticas, serían suficientes para explicar la transmisión transgeneracional de este trastorno de la madre a la descendencia" (p. 343).

Mientras que Yehuda *et al.* (2016) concluyen: "En resumen, nuestros datos apoyan un cebado epigenético intergeneracional de la respuesta fisiológica al estrés en los hijos de individuos altamente traumatizados. Estos cambios pueden contribuir al aumento del riesgo para la psicopatología en la generación F1" (p. 379). Por su parte, Costa, *et al.* (2018) indican que:

Los efectos socioeconómicos, la estructura familiar, los rasgos de supervivencia específicos del padre y los efectos maternos, incluida la calidad de los matrimonios pa-

ternos, no pueden explicar nuestros hallazgos. Si bien no podemos descartar efectos completamente psicológicos o culturales, nuestros hallazgos son más consistentes con una explicación epigenética (p. 11215).

Si bien existe cierta discusión y dudas respecto a la pertinencia metodológica y explicativa de este tipo de investigaciones (e.g. Birney, 2015; Deichmann, 2016; Heard y Martienssen, 2014; Horsthemke, 2018), un artículo reciente afirma que:

Nuestra revisión encontró que se va acumulando evidencia de un efecto duradero de la exposición al trauma, que se transmite a la descendencia transgeneracionalmente mediante el mecanismo de herencia epigenética de las alteraciones de la metilación del ADN y que también tiene la capacidad de cambiar la expresión de los genes y el metaboloma (Youssef *et al.*, 2018, p. 1).

A continuación, a través del análisis de estos artículos científicos sobre herencia epigenética de los efectos de grandes tragedias sociales, analizaremos si efectivamente el discurso epigenético sobre lo humano permite superar las limitaciones de las explicaciones reductivas y deterministas que se adjudicaron a la genética y la biología evolutiva.

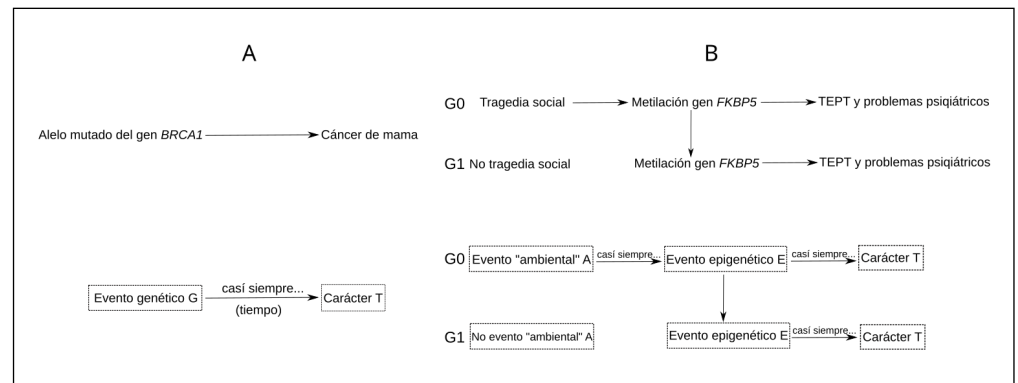
## **Determinismo y reducción explicativa en el abordaje epigenético de lo humano**

El determinismo genético puede resumirse en una formulación del tipo: el gen G casi siempre conduce al desarrollo del rasgo T. En donde los factores genéticos generan un evento causal por sí mismos en ausencia de otros factores actuando en conjunto, y también con predominancia causal sobre estos otros factores. En un contexto biomédico estas explicaciones son frecuentes, por ejemplo cuando afirman que la portación de un alelo mutado del gen *BRCA1* o *BRCA2* casi siempre conduce al desarrollo de cáncer de mamas. Asimismo, es posible extender dicha lógica a investigaciones donde mecanismos epigenéticos explican la persistencia (transmisión epigenética intergeneracional) de problemas psiquiátricos, y otros problemas de salud, en sociedades que sufrieron episodios de violencia extrema. Como se muestra en la [Figura 1](#), en dicha argumentación un evento *ambiental A* que sucede en un determinado momento en una sociedad (generación 0), se *imprime* en el genoma mediante el mecanismo epigenético de metilación de secuencias regulatorias de genes que se asocian (o presentan un vínculo causal directo) con un *carácter fenotípico T*. En los casos analizados dichos caracteres son trastornos psiquiátricos como TEPT y depresión u otros problemas de salud (ya no de salud mental sino física). Luego, dicha marca epigenética se transmite a la siguiente generación por herencia epigenética transgeneracional, y se propone que ya en ausencia del evento *ambiental A* casi siempre se produce el *carácter fenotípico T*. Esta forma de explicar la persistencia de los caracteres a través de las generaciones ([Fig. 1](#)) representaría un tipo de determinismo particular, aunque análogo en cierto grado al determinismo genético asumido por la genética. Volveremos más adelante sobre las diferencias entre el determinismo genético y el epigenético.

Por otra parte, consideraremos la reducción explicativa como aquella estrategia en la que los fenómenos de un nivel determinado de las jerarquías biológicas pueden ser explicados, en algún sentido, a partir de entidades y teorías de otros niveles (Hüttemann y Love, 2011; Kaiser, 2011; Sarkar, 1992). Según Kaiser (2011) una de las tres características



de la reducción explicativa es que "(...) se refieren solamente a factores en un nivel más bajo que el fenómeno en cuestión (...) (p. 453). Seguimos la definición de reducciones explicativas de dicha autora: "(...) explicaciones parte-todo que se refieren exclusivamente a entidades ubicadas en un nivel inferior al nivel del fenómeno del *explanandum*" (Kaiser 2011, p. 464). Varios trabajos han mostrado que dichos niveles inferiores son principalmente los niveles genético-moleculares (Folguera y Pallitto, 2018; Lavagnino *et al.*, 2018).



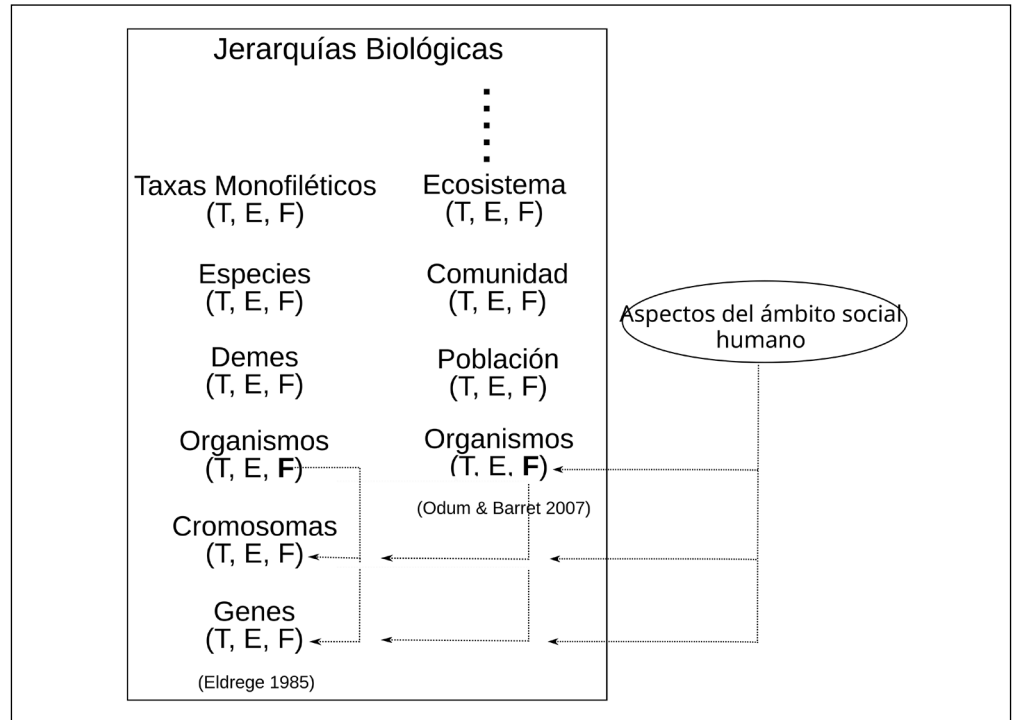
**FIGURA 1.** A: Esquematización de la concepción de determinismo genético en la genética, arriba el caso de una determinación genético-molecular del cáncer de mama y abajo esquema general. B: Esquematización del determinismo en la epigenética, arriba esquema de los casos de investigaciones epigenéticas de grandes tragedias sociales y abajo el esquema general.

En este sentido, planteamos que en las investigaciones sobre la transmisión intergeneracional epigenética del efecto que la violencia social extrema tiene sobre la salud mental, y la salud en general, sucede que entidades, teorías, procesos y mecanismos propios de la investigación epigenética que pertenecen a niveles inferiores de la jerarquía biológica cuentan con una prioridad explicativa sobre fenómenos de niveles superiores como los niveles orgánico y supra-orgánico (Villuendas, 2021). Se priorizan los niveles de genes y cromosomas de las jerarquías biológicas o "diacrónicas" según Eldregre (1985). De hecho, se podría plantear que los niveles reductores pueden dar explicaciones de nivel orgánico cuando se considera otro tipo de jerarquía biológica, aquella ecológica o sincrónica como la propuesta por Odum y Barret (2007). Estas explicaciones avanzan sobre otros ámbitos de la realidad que quedan por fuera de aquellos donde acontecen las jerarquías biológicas, como son las problemáticas relacionadas a los padeceres y emociones humanas que se configuran en los vínculos interpersonales del orden social abordadas en los trabajos antes presentados (Fig. 2).

### El dualismo causal epigenoma/ambiente

Llegados a este punto es importante reconocer, como afirman Meloni y Testa (2014), que la epigenética otorga un mayor protagonismo al ambiente en las explicaciones acerca de fenómenos de lo humano. Pero, ¿cuál es el rol que juega el ambiente como agente causal en las explicaciones deterministas y de reducción explicativa producidas a partir del saber epigenético?. En principio, parece evidente que el papel como agente causal del ambiente es accesorio o subsidiario de lo molecular cuando lo que se analiza son consecuencias de las tragedias sociales en las generaciones descendientes de las víctimas; o en un sentido más amplio, consecuencias de eventos ambientales relativamente remotos

sobre el epigenoma actual (ver por ejemplo Heyn *et al.*, 2013; Kuzawa y Sweet, 2009). Es decir, cuando se trata de herencia epigenética en escenarios diacrónicos. Sin embargo, cuando los eventos ambientales estresantes que se analizan suceden y actúan en el presente sobre las personas (escenarios sincrónicos), y por tanto aún no se hallan inscriptos en el epigenoma, la preeminencia de lo molecular sobre el ambiental como agente causal en el discurso epigenético como mínimo se torna dudosa, llegando en ciertos casos a subvertirse.



**FIGURA 2.** Se muestran las jerarquías biológicas evolutivas o "diacrónicas" según Eldrege (1985) y ecológicas o "sincrónicas" según Odum y Barret (2007). Las flechas de línea punteada demuestran la operación reductiva que se encuentra en las investigaciones epigenéticas sobre tragedias sociales. En dichas operaciones los fenómenos (F) de los niveles superiores como los niveles orgánico y supra-orgánico son explicados recurriendo a teorías (T) y entidades (E) de los niveles de genes y cromosoma. Incluso estas explicaciones reductivas avanzan sobre ámbitos de la realidad social humana.

Para la epigenética, a diferencia de lo que ocurre en la genética, los eventos pueden suceder primero en el ambiente, luego inscribirse en el epigenoma y posteriormente impactar en el ambiente. Este ida y vuelta entre lo ambiental y lo molecular a través del tiempo implica que lo que antes eran polos opuestos de una dicotomía (i.e. *naturaleza* versus *crianza*), ahora constituyen caras de lo mismo. En este sentido, si bien con la epigenética se da una molecularización de lo ambiental (e.g. Dupras y Ravitzky, 2016; Lock, 2013; Niewöhner, 2011; Mansfield, 2012; Meloni y Testa, 2014), ésta debe acontecer no sin una cierta ambientalización de lo molecular. En palabras de Mansfield (2012): "la muy publicitada molecularización del cuerpo es simultáneamente una ambientalización de la molécula" (p. 354). La *molecularización* del ambiente y la *ambientalización* de la molécula provocan el colapso del límite entre *naturaleza* y *crianza*, volviendo difusa –o más bien porosa– la separación entre seres vivos y entorno (Lock, 2013; Meloni y Testa, 2014). En este sentido, Stotz y Griffiths (2016) afirman que la epigenética "parece transgredir la frontera entre *naturaleza* y *crianza* (...) en un intento por descubrir la naturaleza subyacente de los organismos, la biología molecular ha revelado, en su lugar, la interdependencia que existe entre los organismos y el ambiente" (p. 22). En un sentido similar, Moore (2015)

plantea que “dado que los fenómenos epigenéticos ocurren en la interfase entre el ADN y su ambiente, estos pueden ayudarnos a ver cómo nuestras características siempre surgen desde ambos dominios, la *naturaleza* y la *crianza*” (p. 6). Mansfield (2012) profundiza:

(...) el campo de la epigenética ambiental está mostrando que los procesos celulares son en sí mismos influenciados por factores psicosociales tales como el estrés y el comportamiento, la nutrición o la exposición a químicos xenobióticos, todos y cada uno de estos factores tienen grandes efectos en el desarrollo de los fetos. Es esto lo que está socavando cualquier distinción entre *naturaleza* y *crianza*, en el sentido de que cada uno está constantemente integrado en el otro (p. 354).

No se trata ya de tensionar los polos de la clásica antinomia *naturaleza/crianza* en favor de alguno de ellos sino de fundirlos entre sí, disolverlos y volverlos algo indistinguible (Lock, 2013; Meloni y Testa, 2014). Es así como existiría, según algunos autores, una discontinuidad en términos epistémicos entre el programa determinista de la genética y el de la epigenética dado que, en este último, se busca alternar la causalidad entre el dominio de la *naturaleza* y el de la *crianza* según el caso y la escala temporal del análisis. Como veremos en la próxima sección, dicha posibilidad de alternar el agente causal entre el ambiente y el epigenoma puede ser clave para el desarrollo de áreas novedosas de intervención biopolítica a partir del discurso epigenético.

### **Prácticas biopolíticas y sus fundamentos epigenéticos: continuidades y rupturas**

Como hemos mostrado, el discurso epigenético se pronuncia sobre aspectos complejos de lo humano, anclando lo social al nivel molecular a través de la herencia de marcas en el epigenoma. Este tipo de conocimientos es en ocasiones utilizado para discretizar sectores de una población en función de uno o más rasgos fuera de una determinada norma, los cuales difícilmente puedan cambiarse porque reflejan modificaciones del epigenoma/genoma ocurridas en el pasado. En este sentido, cierto conocimiento epigenético opera análogamente al genético: presenta como rasgo inmodificable una problemática de orden social inherente a una población en particular. El mecanismo epigenético que posibilita esto, diferente a los de la genética, es el de las marcas moleculares heredables incorporadas a los cuerpos como respuesta a eventos ambientales pasados que incluyen acontecimientos del orden socio-cultural, económico y productivo. Este es el caso de la discretización de los grupos poblacionales afectados por tragedias sociales del pasado como los aquí discutidos. Ejemplos del alcance biopolítico de éste tipo de discretización de sectores dañados biológicamente-psicosocialmente ya han sido reportados en la literatura (ver por ejemplo Keaney *et al.*, 2023; Warin *et al.*, 2019). Es posible reconocer hasta aquí una continuidad entre los tipos de normalización biopolítica habilitados desde la genética y aquellos de la epigenética.

### **Biopolítica epigenética: la reificación de los comportamientos posibles**

Analizaremos ahora dos casos concretos de prácticas biopolíticas basadas en discursos epigenéticos con el objetivo de señalar diferencias entre las normalizaciones biopolíticas legitimadas a partir del discurso genético y aquellas legitimadas por el discurso epigenético.

Tomaremos en primer lugar el caso estudiado por Mansfield (2012) sobre las consecuencias en el desarrollo del cerebro de fetos de la ingesta de carne de peces contaminados con metilmercurio por parte de las personas gestantes. Las agencias gubernamentales de Estados Unidos que deben enfrentar el problema de la contaminación, en lugar de tomar medidas tendientes a reducir la contaminación de las cuencas de agua, trasladan la responsabilidad del futuro de los niños en gestación a la persona gestante, exigiéndoles que disminuyan su consumo semanal de pescado. Las principales destinatarias de estas advertencias son mujeres pertenecientes a minorías (e.g. afroamericanas, indígenas o distintas comunidades de origen asiático), cuyas dietas tienen un importante contenido de pescado, ya sea porque es una carne económica y/o por razones culturales. A partir del conocimiento epigenético, que indica que ciertos problemas cognitivos manifestados en la adultez son producto de la anormal modificación de la metilación del ADN durante el desarrollo por la presencia de metilmercurio en la dieta materna (e.g. Debes *et al.*, 2006), las agencias gubernamentales incitan a las personas gestantes a adoptar una dieta con menor presencia de carne de pescado y mayor presencia de otros tipos de carnes. Dicha dieta normal es la que típicamente sigue la población blanca de clase media en Estados Unidos. Como toda normalización biopolítica, en la misma práctica que se define lo normal queda implícito lo anormal. En este caso particular, lo normal, la norma a la que los ciudadanos deben ceñirse, es la dieta de las personas blancas, a la que se accede como mínimo con los ingresos económicos de la clase media. Asimismo, caracterizado como "anormal" queda un gran sector de la población que incluye a personas gestantes que consumen pescado por encima de la media blanca y a sus hijos con supuestas deficiencias cognitivas. Al elegir dietas anormales, estas madres no estarían actuando racionalmente como correctos sujetos liberales. Y es justamente en esta concepción de la problemática que yace un aspecto novedoso: son las propias personas gestantes quienes irían incorporando marcas biológicas indelebles (i.e. marcas epigenéticas) en sus linajes como producto de sus elecciones de vida anormales dentro de una sociedad con claras y explícitas pautas de vida normal. Estas diferencias serán luego la base empírica que fundamentará la existencia de divergencias cuantificables entre grupos de personas hacia adentro de las sociedades.

En segundo lugar, tomaremos el caso estudiado por Saldaña-Tejeda y Wade (2019) respecto a obesidad en mestizos mexicanos, el cual constituye un análisis sobre el uso del conocimiento genético y epigenético por parte del aparato de salud pública y privada, y de los médicos en particular. Como señalan Rabinow y Rose (2006), es a través de estos aparatos de producción de conocimiento y verdad, desde donde emanan y son instrumentadas muchas de las prácticas del biopoder y a través de los cuales el llamado Régimen de la verdad del Neoliberalismo contemporáneo (Dupras y Ravitzky, 2016) digita sus biopolíticas. Mediante entrevistas a médicos, Saldaña-Tejeda y Wade ponen de manifiesto una serie de ideas acerca del origen de la obesidad en personas mestizos mexicanos, las cuales se fundamentan en saberes científicos pero también en prejuicios con fuerte sesgo de género y raciales. Los médicos entrevistados señalaron, entre otras causas, la idea de que las antiguas mujeres indias que dieron origen a los mestizos tenían cierta predisposición genética a la obesidad; y que el ambiente socio-cultural en el cual desarrollan sus vidas los mestizos actuales, en particular mujeres gestantes, predispone en términos epigenéticos a la obesidad. En base a estos conocimientos, los profesionales de la salud recomiendan a las mestizas gestantes adoptar dietas y costumbres propias de gente blanca de países centrales con la promesa de que el resultado biológico será la reducción de la obesidad y la diabetes.

Se puede observar en los casos presentados anteriormente que ciertas intervenciones biopolíticas sustentadas en el discurso epigenético permiten normalizar comportamientos en una forma novedosa, ya que se fundamentan en la promesa (y amenaza) de que estos comportamientos conducirán siempre al mismo resultado biológico, estable y predecible. En este sentido, son prácticas que van más allá de desalentar comportamientos inadecuados para la lógica productiva de las sociedades capitalistas modernas, como es el caso de las intervenciones biopolíticas habilitadas desde el discurso genético propio del gen-centrismo. El determinismo epigenético, con el foco causal puesto en el ambiente, permite la reificación de todo un universo de acontecimientos al coercionar a los individuos a adoptar ciertos comportamientos-productores de determinados resultados biológicos y por tanto condenar/excluir el resto de los comportamientos posibles.

En este contexto, señalamos que la posibilidad de alternar el agente causal entre el epigenoma y el ambiente gracias al borramiento del límite *naturaleza/crianza*, en tanto factores causales de diferente jerarquía con la naturaleza biológica como privilegiada, habilita tanto normalizaciones biopolíticas clásicas en las que el nivel molecular actúa como agente causal a través de narrativas que asumen supuestos deterministas clásicos y de reducción explicativa a dicho nivel somático, como normalizaciones de biopolítica epigenética (Mansfield, 2012), donde a través de narrativas que incorporan el determinismo molecular también asumen grados importantes de determinismo ambiental.

La biopolítica epigenética tiene al menos dos consecuencias novedosas con respecto a las normalizaciones biopolíticas clásicas. Primero, dado que no es condición necesaria que exista una base material biológica previa (i.e. ancestría común) que ancle a las personas a grupos poblacionales discretos, cualquier persona puede pasar a integrar un grupo objetivo definido bajo una práctica normativa determinada. Aquí aparecen y toman fuerza conceptos como el de biología local desarrollado por Lock (2013), el de cuerpo embebido de Niewohner (2011) o el de cuerpo postgenómico de Meloni (2018), ya que el ambiente compartido por un grupo de personas gana protagonismo en detrimento de la ancestría común dadora de una biología en común. Como señalamos, aquí el ambiente no sólo remite a un sitio determinado, con su geografía, clima, etc., sino que alude fundamentalmente a cualquier agente externo a los cuerpos como la cultura, alimentación, costumbres, hábitos de consumo, etc. Así, las personas se vuelven susceptibles de ser convocadas e incluidas en un determinado grupo mediante estrategias como la propaganda, el mercadeo, etc. Estos grupos se parecen más a grupos de consumidores integrantes de los públicos, los llamados *targets*, que a grupos poblacionales en tanto integrantes de una especie biológica (Lazaratto, 2006). La segunda consecuencia es que cada persona es, en teoría, capaz de modificar en algún grado su epigenoma y el de su descendencia a partir de los ambientes (e.g. hábitos alimenticios) que vaya dándose a sí misma. En este sentido, la biopolítica epigenética se presenta como el vehículo ideal para lograr que los propios sujetos se normalicen y tomen las riendas de su mejoramiento vital, convirtiéndose en activos protagonistas del devenir de la especie (Rose, 2012). En este sentido, Pentecost y Cousins (2017) afirman que el potencial de la epigenética para revitalizar la comprensión del ambiente y su rol refuerza las nociones liberales de las personas acerca de su responsabilidad en el impacto de la elección de los ambientes-estilos de vida en la propia salud y fundamentalmente en la de las generaciones futuras (Saldaña-Tejeda y Wade, 2019; Waggoner y Uller, 2015).

Las prácticas normativas habilitadas a partir del conocimiento emanado desde la genética se caracterizaron históricamente por ser de carácter masificante, dado que lo inmodificable biológicamente siempre se da a nivel poblacional (i.e. los alelos de un deter-

minado gen están presentes en determinadas frecuencias en la población) y una persona pertenece a un grupo con un rasgo genético dado, o no. Sin embargo, debido al nuevo rol del ambiente en la herencia transgeneracional, las prácticas normativas posibilitadas a partir del conocimiento epigenético son de carácter masivo e individual al mismo tiempo (Waggoner y Uller, 2015).

Los conocimientos producidos por la nueva epigenética habilitan el direccionamiento de las prácticas biopolíticas a grupos particulares de personas con mayor precisión a la vez que permiten promover los comportamientos de los individuos en ciertas direcciones.

La estructura del conocimiento epigenético abonaría entonces a un ejercicio más eficiente del biopoder, al habilitar un amplio abanico de posibles normalizaciones biopolíticas que se hallan en clara consonancia con nuevos tipos de control al interior de las poblaciones en las sociedades del capitalismo post-industrial. En estas sociedades de seguridad (Foucault, 2006) o de control (Deleuze, 1990), la máxima aspiración del poder es regular el universo de acontecimientos posibles a través de prácticas orientadas al medio ambiente en tanto medio social de los individuos (Lazaratto, 2006). Es así como el blanco predilecto de la normalización biopolítica lo constituye el direccionamiento de los comportamientos, entendidos como el principal vehículo para definir dicho medio ambiente.

### **La raza, objetivo central de la biopolítica epigenética**

La raza constituye, junto con la salud y la reproducción, uno de los objetivos fundamentales a los cuales han sido dirigidas las biopolíticas desde el siglo XIX (McWhorter, 2009; Rabinow y Rose, 2006). Desde entonces, el término raza asumió múltiples y diversos significados en la investigación científica tanto biológica como antropológica, aunque invariablemente se ha utilizado como categoría taxonómica humana, estática y con pretensión realista. En este sentido, la idea de raza supone que la variabilidad biológica, física, social, cultural y lingüística de las poblaciones humanas puede ser discretizada en grupos mutuamente excluyentes. Así entendida, además de asumirse como categoría de clasificación, se reifica como status de lo humano, invariable y heredable, posibilitando tanto la asignación de una identidad racial a una población humana como la identificación de los propios sujetos con dicha condición. Sin embargo, desde la segunda mitad del siglo XX, en el ámbito antropológico surgieron miradas que cuestionaban la ya arbitraria, difusa, polisémica y perniciosa categoría de raza humana, con el aparente consenso de impulsar su definitiva erradicación en estudios de la variación humana y su relación con la salud y la enfermedad (Billinger, 2007; Yudell, 2011). Surgieron entonces propuestas de sustituir la idea de razas humanas por la de etnia o ancestría, ambas soportadas únicamente sobre rasgos sociales, culturales, religiosos, etc., que aluden a una dimensión procesual, flexible y dinámica que implica una construcción en el tiempo de la identidad colectiva humana. Paralelamente, en el ámbito biológico, con el advenimiento de la genética, ingentes recursos fueron destinados a investigar las bases moleculares que permitieran una discriminación biológica de las razas, pero invariablemente esa empresa ha fracasado (Lewontin *et al.*, 1984; Rose, 2012; Rose y Rose, 2019; Yudell *et al.*, 2016). Sin embargo, de manera completamente anacrónica, hoy en día muchos Estados, y el aparato médico-farmacéutico en especial, siguen utilizando categorías raciales con supuesto correlato molecular como por ejemplo caucásicos, africanos, etc. (Rabinow y Rose, 2006; Saldaña-Tejeda y Wade, 2019). Esto pone de manifiesto que, a pesar del reiterado incumplimiento de la promesa de encontrar las bases genéticas de las razas humanas por parte de la genética, la búsqueda de bases biológicas que permitan discretizar grupos raciales humanos sigue

vigente; y la consolidación de la epigenética parece haber renovado dichas expectativas (Baedke y Delgado, 2019; Mansfield, 2012; Meloni *et al.*, 2022).

El racismo, en tanto política de Estado, ha permitido la subdivisión y el ordenamiento biológico jerárquico de las poblaciones frente al derecho a la vida y a la muerte. En este contexto, los Estados han focalizado las prácticas de segregación y exterminio, administrando la muerte de ciertos grupos humanos. Así como la sexualidad se ha constituido en el dispositivo con el cual *hacer vivir*, el racismo se erige a modo de contracara como el dispositivo a partir del cual se *deja morir* (McWhorter, 2009). Según Foucault (2001): "el racismo atiende la función de muerte en la economía del biopoder, de acuerdo con el principio de que la muerte de los otros significa el fortalecimiento biológico de uno mismo en tanto miembro de una raza o una población" (p. 233) Para MacWhorter (2009), la raza (y el racismo) es la tecnología fundamental sobre la que se construyó la identidad de los Estados-Nación en el siglo XIX.

Tal como lo han señalado varios autores (Mansfield, 2012; Mansfield y Guthman, 2015; Pentecost y Cousins, 2017; Saldaña-Tejeda y Wade, 2019), el sujeto predilecto de las nuevas biopolíticas epigenéticas son las personas capaces de gestar. Son estas personas quienes tendrían mayor responsabilidad de auto-mejorarse dado que sus acciones tendrán el mayor alcance sobre el destino de las futuras generaciones. Subyace de manera implícita en estas prácticas biopolíticas la promesa de que la progenie se parecerá cada vez más a la raza blanca, y que en ese camino quedarán atrás ciertas problemáticas de salud crónicas (Mansfield y Guthman, 2015). Mediante el sometimiento cultural y la propaganda se les sugiere a las personas gestantes aspirar a ser blancas, y ahora mediante la biopolítica epigenética se les promete que efectivamente lo serán (o lo será su descendencia) si se comportan adecuadamente. Según Mansfield (2012): "la optimización individual no es una promesa post-racial, sino más bien una demanda de género y racializada" (p. 369). En el caso tratado por Saldaña-Tejeda y Wade (2019), el discurso médico y las políticas de salud pública buscan trasladar las inequidades sociales causantes de mayores tasas de obesidad y diabetes entre los mestizos mexicanos a la ancestría indígena, reificando la raza en términos moleculares (mediante determinismo genético y epigenético). Luego, se exige a mestizos gestantes que adopten dietas y hábitos propios de la vida de los países centrales para modificar (mejorar) el legado epigenético de su progenie. Bajo la exigencia de adecuación a la norma subyace la promesa de un futuro mejor no sólo para la descendencia de los normalizados sino para el futuro de todo el linaje, a través de una normalidad que se hará material con el paso de las generaciones si se sostienen los comportamientos adecuados. En el ejemplo problematizado por Mansfield (2012) dicha promesa adopta explícitamente la forma de una correcta adecuación a lo que se espera de una persona liberal, y no casualmente a lo que se espera de una persona blanca: La norma idealizada y privilegiada en la ciencia epigenética es implícita y ampliamente la raza blanca (Mansfield y Guthman, 2015). Algunas razas (las no blancas) son primero un comportamiento impropio/anormal que existe en el ambiente (en lo social/medio ambiental), para luego ser un estigma fenotípico inscripto en la biología de las personas agrupadas bajo una denominación racial. La raza, como construcción científica y biopolítica, va inexorablemente haciéndose carne a través de las generaciones como consecuencia de decisiones anormales de los antepasados de las personas que luego están en desventaja biológica para tomar nuevas decisiones correctas/normales. En este contexto, la promesa de mejor salud que adoptan las políticas públicas y/o campañas privadas basadas en el discurso epigenético, parecen esconder la búsqueda del mejoramiento racial (Dupras y Rabitzky, 2016; Mansfield y Guthman, 2015; Pentecost y Cousins, 2017). Estas prácticas biopolíticas conducen

no sólo a la delimitación de sectores de la población supuestamente defectuosos a los que hay que dejar morir como se ha dado históricamente para el caso del determinismo genético, sino que además, el determinismo de la biopolítica epigenética, permite trasladar el estigma de la categoría racial a la dimensión del comportamiento, posibilitando niveles de control psico-sociales crecientes. Este nuevo tipo de raza epigenética presenta además la ventaja para quienes la impulsan de que no requiere de demasiados documentos probatorios por parte de la biología para demostrarse verdadera. Dado que parte de la causalidad racial se ha trasladado a la dimensión ambiental (comportamiento), poco es el correlato molecular exigido. En este sentido, los límites de la raza pueden continuar siendo tan difusos y variables como siempre pero finalmente legitimados desde el poder y el conocimiento de las nuevas ciencias.

Es en este pasaje de lo ambiental (*crianza*) a lo biológico (*naturaleza*), y viceversa, que el discurso epigenético renueva la concepción de las razas humanas. Es más, la profundiza en la medida que asume una interpenetración indisociable de la dimensión molecular (o biológica) con la dimensión socio-cultural de lo humano, inaugurando una taxonomía y una ontología de las razas como categorías biosociales (Chellappoo y Baedke, 2023; Meloni *et al.*, 2022), las cuales ya no estarían dadas inexorablemente por los genes, sino que ahora pasan a ser, además, entidades plásticas que pueden rectificarse y/o modificarse con las acciones de las personas (Mansfield y Guthman, 2015).

### **Plasticidad postgenómica o flexibilidad capitalista**

La era postgenómica ha traído consigo el entendimiento del epigenoma y del genoma en tanto órganos plásticos en los cuales las señales ambientales pueden imprimirse y eventualmente perdurar a través de las generaciones (Meloni, 2015). El cuerpo postgenómico es en sí mismo la fijación inexorable a los traumas ambientales pasados y presentes y al mismo tiempo, un nuevo comienzo, una nueva dirección plástica en cada generación (Meloni, 2018). En ese constante arrojamiento hacia el futuro, constituye una mirada de proyecciones hacia otros mundos posibles por fuera del discurso totalizador del Régimen de la verdad del Neoliberalismo contemporáneo y encierra por tanto también, posibilidades de emancipación (Mansfield y Guthman, 2015; Meloni, 2018). El biopoder busca el aislamiento y la internalización en cada individuo de problemas que son de alcance comunitario, trasladando la responsabilidad política-social hacia los propios sujetos (Dupras y Ravitzky, 2016), convirtiendo la plasticidad postgenómica en su doble oscuro, la flexibilidad capitalista del auto-mejoramiento (Meloni, 2018). En la disputa por la externalización/socialización de dichos problemas, la exigencia de políticas que aseguren el acceso a comida saludable, condiciones de vida menos estresantes, una distribución equitativa de medio ambientes saludables (e.g. acceso al agua, aire puro, pero también la defensa de la biodiversidad y los ecosistemas), parecen residir ciertas resistencias a la flexibilidad capitalista. Además, y fundamentalmente, al trasladar el entorno desde el interior del individuo al medio y la comunidad toda, se limita el alcance que puede tener la biopolítica epigenética sobre uno de sus principales objetivos próximos: la madre gestante-feto/recepción nacido, así como también sobre su principal objetivo último: la raza. Finalmente, la construcción de una subjetividad científica crítica, a partir de la enseñanza y del debate de una visión de la ciencia que incluya la dimensión ética, puede contribuir a que la traducción del saber epigenético por parte del biopoder sea más del tipo político-emancipatorio y menos del tipo clínico mercantilista guiado por el imperativo tecnológico (ver Dupras y Ravitzky, 2016 para una discusión sobre ambos tipos de traducciones).



## CONCLUSIONES

En este trabajo hemos analizado las características epistemológicas de la investigación epigenética sobre lo humano a la vez que buscamos caracterizar de qué manera los discursos que de allí emanan pueden sustentar prácticas del biopoder. Podemos concluir que los estudios epigenéticos en humanos asumen formas complejizadas de operaciones epistemológicas clásicas de la genética y la biología evolutiva; que contemplan por un lado determinismo epigenético, donde hay un rol causal diferencial para el ambiente, y por otro lado reducción explicativa. Nuestro estudio sugiere que los abordajes epigenéticos de ciertos fenómenos humanos ejecutan un determinismo que otorga al ambiente (en un sentido amplio) y los fenómenos allí manifestados, un rol causal en la configuración de la biología humana en un grado mayor que en los campos científicos precedentes. Sin embargo, el determinismo en la epigenética no se agota en un determinismo ambiental, sino que al mantener al mismo tiempo la importancia causal del nivel genético-molecular se configura una dimensión novedosa de determinismo, diferente de aquellas operaciones epistemológicas clásicas en el estudio de lo humano emanadas desde la genética. Llamamos por tanto a este determinismo en la epigenética, *neodeterminismo*. La lógica con que opera el *neodeterminismo* permitiría eludir las exigencias de explicaciones no deterministas que podrían *a priori* esperarse como consecuencia del borrado del límite *naturaleza/crianza*. Esto se evidencia en la alternancia con la que el ambiente y el epigenoma asumen un determinado rol causal en relación a la temporalidad del fenómeno de lo humano que quiere explicarse. En escenarios diacrónicos, cuando se cuantifica el impacto de eventos ambientales del pasado en epigenomas humanos actuales, el nivel genético/molecular es priorizado como agente causal. Sin embargo, en escenarios sincrónicos en donde se trata de predecir el impacto de un determinado ambiente contemporáneo sobre los epigenomas presentes y futuros, se prioriza al ambiente como agente causal. Luego, la operación epistemológica de reducción explicativa se presenta en el campo epigenético con las mismas características que en la genética y la biología evolutiva; mostrando cierta continuidad con dichas áreas del conocimiento científico.

Pareciera entonces que aquellas promesas emancipatorias que trajo consigo el surgimiento y la consolidación de la epigenética respecto a las características epistemológicas de gen-centrismo, determinismo y reducción, no han sido del todo cumplidas. Más aún, el discurso epigenético continúa y profundiza el rol legitimador de prácticas de normalización biopolítica de la genética a través de nuevas formas de intervención de la vida humana. La biopolítica epigenética aspira a controlar los acontecimientos posibles a través del direccionamiento de los comportamientos promoviendo el auto-mejoramiento personal y la construcción de la figura del empresario de sí mismo. Son las personas puestas a elegir entre distintas pautas comportamentales quienes optan por un mejor futuro biológico para sus descendientes o bien, por la permanencia en *condiciones raciales* que garantizan la enfermedad, la pobreza, etc. Nos encontramos frente a niveles crecientes de eficacia del biopoder y de las normalizaciones biopolíticas, acaso necesarias para profundizar y sostener el proyecto de las sociedades propias del capitalismo post-industrial.

## AGRADECIMIENTOS

Queremos agradecer a las dos personas que revisaron el manuscrito por hacerlo con compromiso y profundidad. Con sus aportes hicieron de este un mejor trabajo.

## CONTRIBUCIONES DE LOS AUTORES

Manuel Ignacio Stefanini: Conceptualización (director); escritura - borrador original (igual); revisión y edición (igual). Ana Liza Tropea: Conceptualización (apoyo); escritura - borrador original (igual); revisión y edición (igual). Nicolas José Lavagnino: Conceptualización (apoyo); escritura - borrador original (igual); revisión y edición (igual).

## CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

## LITERATURA CITADA

- Alvarez Pelaez, R. (2005). Eugenesia, ideología y discurso de poder en España. En M. Miranda y G. Vallejo (Eds.), *Darwinismo social y eugenesia en el mundo latino* (pp. 87-114). Siglo veintiuno editores de Latinoamérica.
- Baedke, J. y Delgado, A. N. (2019). Race and nutrition in the New World: Colonial shadows in the age of epigenetics. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 76, 101-175. <https://doi.org/10.1016/j.shpsc.2019.03.004>
- Billinger, M. S. (2007). Another look at ethnicity as a biological concept: Moving anthropology beyond the race concept. *Critique of Anthropology*, 27(1), 5-35. <https://doi.org/10.1177/0308275X07073815>
- Bird, A. (2007). Perceptions of epigenetics. *Nature*, 447, 396-398. <https://doi.org/10.1038/nature05913>
- Chellappoo, A. y Baedke, J. (2023). Where the social meets the biological: New ontologies of biosocial race. *Synthese*, 201(1), 14. <https://doi.org/10.1007/s11229-022-04006-0>
- Chung, E., Cromby, J., Papadopoulos, D. y Tufarelli, C. (2016). Social epigenetics: A science of social science? *The Sociological Review*, 64(1), 168-185. <https://doi.org/10.1111/2059-7932.12019>
- Costa, D. L., Yetter, N. y DeSomer, H. (2018). Intergenerational transmission of paternal trauma among US Civil War ex-POWs. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 115(44), 11215-11220. <https://doi.org/10.1073/pnas.1803630115>
- Debes, F., Budtz-Jørgensen, E., Weihe, P., Whit, R. F. y Grandjean, P. (2006) Impact of prenatal methylmercury exposure on neurobehavioral function at age 14 years. *Neurotoxicology and Teratology*, 28, 363-375. <https://doi.org/10.1016/j.ntt.2006.02.005>
- Deichmann, U. (2016). Epigenetics: The origins and evolution of a fashionable topic. *Developmental biology*, 416(1), 249-254. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2016.06.005>
- Deleuze, G. (1990). *Conversaciones 1972-1990*. pre-Textos.
- Descola, P. y Pons, H. (2012). *Más allá de naturaleza y cultura*. Amorrortu.
- Demarest, B. (2022). Epigenesis. En D. Jalobeanu y C. T. Wolfe (Eds.), *Encyclopedia of early modern philosophy and the sciences* (pp. 601-605). Springer. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-31069-5\\_281](https://doi.org/10.1007/978-3-319-31069-5_281)
- di Pasquo, F., Francese, Ch. y Folguera, G. (2017). ¿Estrategia reductiva? De la ecología de sistemas a la fisiología. *Principia: an International Journal of Epistemology*, 21(1), 99-123. <https://doi.org/10.5007/1808-1711.2017v21n1p99>
- Dobzhansky, T. (1951). *Genetics and the origin of species* (3a Ed.). Columbia University Press.
- Dupras, C. y Ravitsky, V. (2016). Epigenetics in the neoliberal "Regime of truth": A biopolitical perspective on knowledge translation. *The Hastings Center Report*, 46(1), 26-35. <https://doi.org/10.1002/hast.522>
- Dupras, C., Saulnier, K. M. y Joly, Y. (2019). Epigenetics, ethics, law and society: A multidisciplinary review of descriptive, instrumental, dialectical and reflexive analyses. *Social Studies of Science*, 249(5), 785-810. <https://doi.org/10.1177/0306312719866007>
- Eldredge, N. (1985). *Unfinished synthesis: Biological hierarchies and modern evolutionary thought*. Oxford University Press.
- Felsenfeld, G. (2014). A brief history of epigenetics. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 6(1), a018200. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a018200>
- Folguera, G. y Pallitto, N. (2018). Diversidad, pluralismos, reducciones en la biología: Análisis de las relaciones entre nociones de gen. *Metatheoria*, 8(2): 63-73. <https://doi.org/10.48160/18532330me8.176>

- Folguera, G. y Lombardi, O. (2012). The relationship between microevolution and macroevolution, and the structure of the extended synthesis. *History and Philosophy of the Life Sciences*, 34(4), 539-559.
- Foucault, M. (2001). *Defender la sociedad. Curso en el Collège de France (1975-1976)*. Fondo de Cultura Económica.
- Foucault, M. (2006). *Seguridad, territorio, población. Curso en el Collège de France (1977-1978)*. Fondo de Cultura económica.
- Fox Keller, E. (1995). *Refiguring life: Metaphors of twentieth century biology*. Columbia University Press.
- Fox Keller, E. (2000). *The century of the gene* (3ª ed.). The Harvard University Press.
- Gould, S. J. (2006). *The mismeasure of man (Revised and expanded)*. WW Norton & Company.
- Griffiths, P. E. (2017). Genetic, epigenetic and exogenetic information in development and evolution. *Interface Focus*, 7(5), 20160152. <https://doi.org/10.1098/rsfs.2016.0152>
- Haig, D. (2011). Commentary: The epidemiology of epigenetics. *International Journal of Epidemiology*, 41(1), 13-16. <https://doi.org/10.1093/ije/dyr183>
- Heard, E. y Martienssen, R. A. (2014). Transgenerational epigenetic inheritance: Myths and mechanisms. *Cell*, 157(1), 95-109. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.02.045>
- Heyn, H., Moran, S., Hernando-Herraez, I., Sayols, S., Gomez, A., Sandoval, J., Monk, D., Hata, K., Marques-Bonet, T., Wang, L. y Esteller, M. (2013). DNA methylation contributes to natural human variation. *Genome Research*, 23(9), 1363-1372.
- Horsthemke, B. (2018). A critical view on transgenerational epigenetic inheritance in humans. *Nature Communications*, 9, 2973. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05445-5>
- Hüttemann, A. y Love, A. C. (2011) Aspects of reductive explanation in biological science: Intrinsicity, fundamentality, and temporality. *The British Journal for the Philosophy of Science*, 62(3), 5. <https://doi.org/10.1093/bjps/axr006>
- Jablonka, E. y Lamb, M. J. (2002). The changing concept of epigenetics. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 981(1), 82-96. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2002.tb04913.x>
- Jablonka, E. y Lamb, M. J. (2007). The expanded evolutionary synthesis-a response to Godfrey-Smith, Haig, and West-Eberhard. *Biology and Philosophy*, 22, 453-472. <https://doi.org/10.1007/s10539-007-9064-z>
- Kaiser, M. I. (2011). The limits of reductionism in the life sciences. *History and Philosophy of the Life Sciences*, 33(4), 453-76.
- Keaney, J., Byrne, H., Warin, M. y Kowal, E. (2023). Refusing epigenetics: Indigeneity and the colonial politics of trauma. *History and Philosophy of the Life Sciences*, 46(1), 1. <https://doi.org/10.1007/s40656-023-00596-1>
- Kuzawa, C. y Sweet, E. (2009). Epigenetics and the embodiment of race: Developmental origins of US racial disparities in cardiovascular health. *American Journal of Human Biology*, 21(1), 2-15. <https://doi.org/10.1002/ajhb.20822>
- Lavagnino, N. J., Barbero, S. y Folguera, G. (2018). Caracterización, alcances y dificultades de las "bases biológicas" del Trastorno de Déficit de Atención e Hiperactividad (TDAH). Un abordaje desde la Filosofía de la Biología. *Physis: Revista de Saúde Coletiva*, 28(1), e280110. <https://doi.org/10.1590/S0103-73312018280110>
- Lazzarato, M. (2006). *Políticas del acontecimiento*. Editorial Tinta Limón
- Lewontin, C., Kamin, L. J. y Rose, S. P. R. (1984). *Not in our genes biology, ideology, and human nature*. Pantheon Books.
- Lewontin, R. C. (2000). *The triple helix: gene, organism, and environment*. Harvard University Press.
- Lewontin, R. C. (2001). *It ain't necessarily so: the dream of the human genome and other illusions*. New York Review of Books.

- Lock, M. (2013). The epigenome and nature/nurture reunification: A challenge for anthropology. *Medical anthropology: Cross-cultural studies in health and illness*, 32(4), 291-308. <https://doi.org/10.1080/01459740.2012.746973>
- MacWhorter, L. (2009). *Racism and sexual oppression in Anlgo-America. A genealogy*. Indiana University Press.
- Mansfield, B. (2012). Race and the new epigenetic biopolitics of environmental health. *BioSocieties*, 7, 352-372. <https://doi.org/10.157/biosoc.2012.22>
- Mansfield, B. y Guthman, J. (2015). Epigenetic life: Biological plasticity, abnormality, and new configurations of race and reproduction. *Cultural Geographies*, 22(1), 3-20. <https://doi.org/10.1177/1474474014555659>
- Martinago, F., Lavagnino, N. J., Folguera, G. y Caponi, S. (2019). Factores de riesgo y bases genéticas: El caso del trastorno por déficit de atención e hiperactividad. *Salud Colectiva*, 15, e1952. <https://doi.org/10.18294/sc.2019.1952>
- Mayr, E. (1942). *Systematics and the origin of species*. Columbia University Press.
- Meloni, M. y Testa, G. (2014). Scrutinizing the epigenetics revolution. *BioSocieties*, 9, 431-456. <https://doi.org/10.1057/biosoc.2014.22>
- Meloni, M. (2015). Epigenetics for the social sciences: Justice, embodiment, and inheritance in the postgenomic age. *New Genetics and Society*, 34(2): 125-151. <https://doi.org/10.1080/14636778.2015.1034850>
- Meloni, M. (2018). A postgenomic body: Histories, genealogy, politics. *Body & Society*, 24(3), 3-38. <https://doi.org/10.1177/1357034X18785445>
- Meloni, M., Moll, T., Issaka, A. y Kuzawa, C. W. (2022). A biosocial return to race? A cautionary view for the postgenomic era. *American Journal of Human Biology*, 34(7), e23742. <https://doi.org/10.1002/ajhb.23742>
- Moore, D. S. (2015). *The developing genome: An introduction to behavioral epigenetics*. Oxford University Press.
- Mulligan, C., D'Errico, N., Stees, J. y Hughes, D. (2012). Methylation changes at NR3C1 in newborns associate with maternal prenatal stress exposure and newborn birth weight. *Epigenetics*, 7(8), 853-857. <https://doi.org/10.4161/epi.21180>
- Niewöhner, J. (2011). Epigenetics: Embedded bodies and the molecularisation of biography and milieu. *BioSocieties*, 6, 279-298. <https://doi.org/10.1057/biosoc.2011.4>
- Odum, E. P. y Barret, G. W. (2004). *Fundamentals of Ecology*. Cengage Learning.
- Pallitto, N. y Folguera, G. (2018). Ni cabalmente clásico, ni completamente molecular: Un análisis del concepto de gen en la genética del comportamiento. *Scientiae Studia*, 15(2), 439-457.
- Pallitto, N., Massarini, A. y Folguera, G. (2015). Sonidos, ruidos y silencios: Entre la crisis y la permanencia del determinismo genético en la biología contemporánea. *Ludus Vitalis*, XXII/43/2015, 39-55.
- Pentecost, M. y T. Cousins. (2017). Strata of the political: Epigenetic and microbial imaginaries in post-apartheid Cape Town. *Antipode*, 49(5), 1-17. <https://doi.org/10.1111/anti.12315>
- Perroud, N., Rutembesa, E., Paoloni-Giacobino, A., Mutabaruka, J., Mutesa, L., Stenz, L., Malafosse, A. y Karege, F. (2014). The Tutsi genocide and transgenerational transmission of maternal stress: Epigenetics and biology of the HPA axis. *The World Journal of Biological Psychiatry*, 15(4), 334-345. <https://doi.org/10.3109/15622975.2013.866693>
- Resnik, D. B. y Vorhaus, D. B. (2006). Genetic modification and genetic determinism. *Philosophy, Ethics, and Humanities in Medicine*, 1, 9. <https://doi.org/10.1186/1747-5341-1-9>
- Riggs, A. D., Martienssen, R. A. y Russo, V. E. A. (1996). *Introduction in epigenetic mechanisms of gene regulation*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. <https://doi.org/10.1016/bs.pmbts.2018.04.002>
- Rabinow, P. y Rose, N. (2006). Biopower today. *Biosocieties*, 1, 195-217. <https://doi.org/10.1017/S1745855206040014>

- Rose, H. y Rose, S. (2019). *Genes, células y cerebros. La verdadera cara de la genética, la biomedicina y las neurociencias*. Ediciones IPS.
- Rose, N. (2012). *Políticas de la vida: biomedicina, poder y subjetividad en el siglo XXI*. UNIPE: Editorial Universitaria.
- Saldaña-Tejeda, A. y Wade, P. (2019). Eugenics, epigenetics, and obesity predisposition among mexican mestizos. *Medical Anthropology*, 38(8), 664-479. <https://doi.org/10.1080/01459740.2019.1589466>
- Sarkar, S. (1992). Models of reduction and categories of reductionism. *Synthese*, 91, 167-194. <https://doi.org/10.1007/BF00413566>
- Sarkar, S. (1998). *Genetics and reductionism*. Cambridge University Press.
- Schaeffer, J. M. (2009). *El fin de la excepción humana*. Marbot Ediciones.
- Serpeloni, F., Radtke, K., de Assis, S. G., Henning, F., Nätt, D. y Elbert, T. (2017). Grandmaternal stress during pregnancy and DNA methylation of the third generation: An epigenome-wide association study. *Translational Psychiatry*, 7, e1202. <https://doi.org/10.1038/tp.2017.153>
- Shirira, A., Ayalon, L., Bensimon, M., Bodner, E., Rosenbloom, T. y Yadid, G. (2017). Parental post-traumatic stress disorder symptoms are related to successful aging in offspring of holocaust survivors. *Frontiers in Psychology*, 8, 1099. <https://doi.org/10.3389/fpsyg.2017.01099>
- Sibilia, P. (2005). *El hombre postorgánico. Cuerpo, subjetividad y tecnologías digitales* (3ª ed.). Fondo de cultura económica.
- Simpson, G. G. (1953). *The major features of evolution*. Columbia University Press.
- Stotz, K. (2006). Molecular epigenesis: Distributed specificity as a break in the central dogma. *History and Philosophy of the Life Sciences*, 28(4), 533-548.
- Stotz, K. y Griffiths, P. (2016). Epigenetics: Ambiguities and implications. *History and philosophy of the life sciences*, 38, 22. <https://doi.org/10.1007/s40656-016-0121-2>
- Villuendas, M. (2023). Una articulación filosófica de la epidemiología epigenética. *Tópicos, Revista de Filosofía*, 67, 411-452. <http://doi.org/10.21555/top.v670.2411>
- Waddington, C. H. (1942). The epigenotype. *Endeavour, International Journal of Epidemiology*, 41(1), 10-13. <https://doi.org/10.1093/ije/dyr184>
- Waggoner, M. R. y Uller, T. (2015). Epigenetic determinism in science and society. *New Genetics and Society*, 34(2), 177-195.2 <https://doi.org/10.1080/14636778.2015.1033052>
- Warin, M., Kowal, E. y Meloni, M. (2019). Indigenous knowledge in a postgenomic landscape: The politics of epigenetic hope and reparation in Australia. *Science, Technology, & Human Values*, 45(1), 87-111. <https://doi:10.1177/0162243919831077>
- Wessel, A. (2009). What is epigenesis? or Gene's place in development. *human\_ontogenetics*, 3(2), 35-37. <https://doi.org/10.1002/huon.200900008>
- Yehuda, R., Daskalakis, N. P., Bierer, L. M., Bader, H. N., Klengel, T., Holsboer, F. y Binder, E. B. (2016). Holocaust exposure induced intergenerational effects on FKBP5 methylation. *Biological Psychiatry*, 80(5), 372-380. <https://doi.org/10.1016/j.biopsych.2015.08.005>
- Youssef, N.A., Lockwood, L., Su, S., Hao, G. y Rutten, B.P.F. (2018). The effects of trauma, with or without PTSD, on the transgenerational DNA methylation alterations in human offsprings. *Brain Sciences*, 8(5), 83. <https://doi.org/10.3390/brainsci8050083>
- Yudell, M. (2011). A short history of the race concept. En S. Krimsky y K. Sloan (Eds.), *Race and the genetic revolution: Science, myth, and culture* (pp. 13-30). Columbia University Press.
- Yudell, M., Roberts, D., DeSalle, R. y Tishkoff, S. (2016). Taking race out of human genetics. *Science*, 351(6273), 564-565. <https://doi.org/10.1126/science.aac4951>