El gran salto adelante de las ciencias sociales en la era de los biomarcadores

Héctor Cebolla Boado*

RESUMEN

Este trabajo explora el avance de las ciencias sociales mediante la integración del conocimiento de las ciencias naturales y de la salud, impulsado por la disponibilidad de nuevas tecnologías y fuentes de datos. Tres ejemplos clave ilustran cómo la investigación con biomarcadores ha enriquecido la agenda de los científicos sociales. Primero, la bioarqueología revela que los patrones de estratificación social son tan antiguos como la organización social misma. Segundo, la neurología y las técnicas neurocientíficas alertan sobre los efectos de la pobreza en el metabolismo y el comportamiento individuales. Tercero, la sociogenómica analiza el comportamiento social. El artículo concluye con una reflexión sobre las grandes infraestructuras que han facilitado estos avances y la muy modesta contribución que España ha hecho a ellos.

1. Introducción

En su clásico trabajo *Les règles de la méthode sociologique* (1895), Durkheim presenta el "hecho social" como el resultado de maneras de actuar o pensar determinadas por factores externos al individuo no relacionadas con su biología y que se imponen a él al margen de su conciencia. En torno a esta idea se desarrolló la mayor parte de las llamadas ciencias sociales, que hoy están viviendo un periodo de cambio excepcional. Las disciplinas académicas centradas en los "hechos sociales" se institucionalizaron en departamentos y facultades. Se consagró así su separación del resto e incrementó la sensación de que un abismo separaba las ciencias de los hechos sociales del conocimiento científico sobre otras materias. Algunas ciencias sociales, como la economía, consiguieron una autonomía teórica muy significativa gracias a una cierta homogeneidad en los fundamentos teóricos del comportamiento económico, y a la fuerza y la simplicidad de las reglas básicas de lo que es un mercado. En cambio, otras, como la sociología, no lo lograron y crecieron alrededor de un fuerte pensamiento normativo que explica por qué durante años se dedicaron enormes esfuerzos a teorizar acerca de cómo debía ser el mundo, a desatender la validez externa de las conclusiones principales o a banales debates metodológicos sobre si las técnicas cuantitativas o las cualitativas eran causalmente superiores e, incluso, sobre si la causalidad tenía cabida en las ciencias sociales. Hoy, las ciencias naturales y, dentro de ellas, sobre todo, las ciencias de la salud están asaltando la agenda de investigación tradicional de muchas ciencias sociales. Y lo están haciendo con un gran éxito. Este artículo ofrece algunas ilustra-

* Consejo Superior de Investigaciones Científicas (hector.cebolla@cchs.csic.es).

ciones de este proceso y señala cómo algunos avances en el conocimiento en la frontera de las ciencias sociales están logrando superar debates enquistados en el imaginario colectivo de generaciones de académicos.

La influencia del pensamiento durkheimniano y la falta de estructura vertical en el pensamiento sociológico clásico han conducido a las ciencias sociales de los últimos años a posiciones muy reacias a aceptar explicaciones no sociales del comportamiento humano. Entre estas explicaciones figuran, por encima de todas, las biológicas y las estrictamente psicológicas. Esta reticencia a la hibridación de las ciencias sociales y del comportamiento colectivo humano con otras disciplinas científicas está poco a poco siendo superada.

A riesgo de simplificar en exceso, hay dos razones fundamentales que explican el hecho de que, a día de hoy, muchas agendas de investigación social se hayan abierto a la biología, y, particularmente a la etología, la neurociencia y la genética. La primera razón se refiere a la debilidad de las métricas y de la identificación de causalidad en las ciencias sociales. El hecho mismo de que las ciencias sociales se puedan considerar ciencias sigue siendo contestado incluso por parte de quienes llevan la etiqueta de "científico social". Aunque las ciencias sociales son ciencias en la medida en que desarrollan un *corpus* de conocimiento aplicando los principios del método científico, hay dos problemas que limitan sus credenciales científicas desde el punto de vista de sus críticos. El primer problema es el hecho de que su capacidad para establecer certezas es menor que la de otras ciencias debido a la dificultad de medición de sus objetos de estudio. Esta limitación en la precisión de sus medidas provoca que el conocimiento sobre lo social sea más incierto que el que generan otras ciencias igualmente dependientes de afirmaciones probabilistas. La segunda limitación de sus credenciales científicas es su horizontalidad. Con notables excepciones, las ciencias sociales se han construido como un conocimiento casi horizontal, en el que las grandes teorías clásicas han sido abordadas desde perspectivas metodológicas demasiado diversas. Esto ha obstaculizado la construcción con validez interna y externa de un conocimiento estable y vertical sobre muchos hechos sociales. La fragmentación del conocimiento sociológico es una prueba de todo ello. Existen literaturas y subliteraturas sobre casi cualquier objeto de estudio que se pierden en los detalles más peregrinos, cuando no en disquisiciones metodológicas o en ideas puramente normativas.

La segunda razón de la apertura de las ciencias sociales a las ciencias naturales tiene que ver con la innovación tecnológica y la velocidad de los cambios que conlleva. Hoy es más fácil que nunca traer a la investigación sociológica argumentos prestados de otras disciplinas y, sobre todo, testarlos empíricamente gracias a que la tecnología ha permitido que muchas de las grandes infraestructuras estadísticas clásicas en la investigación social incorporen nuevas variables. Entre ellas destacan los biomarcadores. Es cierto que determinados biomarcadores ya habían adquirido un peso relativamente notable en la investigación social clásica de algunas disciplinas como la demografía o la epidemiología social (piénsese, por ejemplo, en los análisis sobre el peso al nacer o sobre el índice de masa corporal de los individuos). Sin embargo, la disponibilidad de información sobre nuevos biomarcadores no para de crecer, ayudando a que la sociología de la salud, primero, y todas las demás ciencias sociales, después, comiencen a desarrollar sus agendas de investigación de una forma verdaderamente interdisciplinar.

Cabe señalar que muchos científicos sociales siguen usando la etiqueta de interdisciplinar para ceñirse al ámbito clásico de las ciencias sociales. Muchos también son reacios a abrir verdaderamente las fronteras del conocimiento sociológico. Sin embargo, progresivamente se va imponiendo una nueva aproximación a la investigación de lo social al menos en algunos campos y, muy paradigmáticamente, en el estudio de la estratificación social, es decir, en el análisis desde la forma en que se transmite la ventaja social intergeneracionalmente, a los determinantes y las consecuencias de la vulnerabilidad y el privilegio. En un tiempo en el que la desigualdad es objeto de intenso debate e interés social más allá de lo puramente académico, son muchos los científicos de ciencias "no tradicionalmente sociales" que se han sentido atraídos por temas como la desigualdad de origen o de género. Y son ellos, en muchos casos, quienes han irrumpido en las estrechas bibliografías de lo social con nuevos argumentos y prácticas científicas que hace solo un par de décadas eran completamente ajenas a las ciencias sociales.

Revisando algunas publicaciones en la vanguardia de la calidad e innovación científicas, es fácil entender la enorme transformación que están experimentando y van a experimentar las ciencias sociales desde que la tecnología ha permitido que incorporen la perspectiva biológica a sus agendas de investigación. En este artículo se han seleccionado algunos ejemplos que ilustran cómo está sucediendo todo este cambio. Sin pretender la exhaustividad, el objetivo es ilustrar cómo líneas de investigación tradicionales en el ámbito de la sociología han incorporado argumentos de esta naturaleza y cómo, al hacerlo, han mejorado su capacidad analítica y su potencial para avanzar la frontera del conocimiento. Ni siquiera la lista de temas es completa. Como se explica en el último apartado, y aunque aún sea aventurado afirmarlo, más pronto que tarde todas las investigaciones sociológicas acabarán teniendo una mayor exposición a esta revolución científica que va a transformar las ciencias sociales.

2. La bioarqueología en el estudio de la desigualdad social

La arqueología es una disciplina que varias veces se ha solapado con la agenda de investigación de las ciencias sociales, especialmente en lo relacionado con el origen de la cooperación social y la organización de las sociedades. Uno de los ejemplos más comunes de este solapamiento lo constituye el estudio de la estratificación social en las sociedades antiguas y, en ocasiones, la proyección de las dinámicas del pasado para entender procesos en el presente. El estudio de los patrones de desigualdad en sociedades pasadas es un tema fundamental en este terreno. Por ejemplo, una iniciativa en marcha en la actualidad es el Proyecto GINI (Proyecto sobre las Dinámicas Globales de la Desigualdad*, Global Dynamics of Inequality Project*) que reúne a arqueólogos de todo el mundo para documentar la desigualdad en poblaciones a lo largo del espacio y el tiempo mediante la síntesis de datos arqueológicos (Bogaard *et al.,* 2024). El proyecto utiliza como indicador fundamental el tamaño de las viviendas y ha logrado crear una base de datos con más de 45.000 casas en periodos que van desde hace 20.000 años hasta el presente en distintos puntos del mundo y que ha demostrado una enorme heterogeneidad (Kohler *et al.,* 2017).

A esta aproximación tradicional de la arqueología se ha sumado el enorme potencial de la investigación genética. Un extraordinario trabajo de divulgación se puede encontrar en el libro *Inequality: A Genetic History,* de Carles Lalueza-Fox (2022). En este trabajo se citan numerosos ejemplos de cómo se ha superado, gracias a la tecnología, la aproximación tradicional de estudiar la disposición de los enterramientos y sus ornamentos para medir la desigualdad en sociedades anteriores. El ejemplo más imponente para quienes están interesados en entender las causas de la desigualdad en el presente, está en el trabajo de Mittnik *et al.* (2019), que estudiaron las conexiones genéticas de una serie de personas enterradas a lo largo del rio Lech en el sur de Alemania durante la transición a la Edad de Bronce. Esta información, que fue datada a través de isótopos y combinada con datos antropológicos y arqueológicos convencionales, ha permitido reconstruir la estructura y las relaciones de una serie de hogares en varias generaciones. Los hallazgos demuestran una persistente estabilidad en la subordinación femenina. En concreto, de ellos se deduce la exogamia femenina, es decir, que son las mujeres las que se mueven de población para formar nuevos hogares, y no los hombres. También destacan la debilidad de los nacidos fuera del entorno familiar (los individuos menos conectados genéticamente con el núcleo de cada familia son los menos favorecidos), y la fortaleza de los patrones de transmisión de la riqueza intrafamiliar (los hogares de alto estatus duraron varias generaciones).

Existen otros ejemplos que interpelan incluso más directamente a las ciencias sociales actuales, ya que establecen correlaciones creíbles entre el pasado y el presente. Cierto, este ha sido tradicionalmente el papel de la historia económica. Pero también esta disciplina, ahora, ve cómo aumentan sus herramientas para indagar en el pasado gracias a la tecnología. Un ejemplo reciente se encuentra en un trabajo (Damann *et al.,* 2023) que utiliza información procedente de varias excavaciones arqueológicas en Escandinavia y otros lugares de Europa en el marco del *Global History of Health Project* (Steckel *et al.,* 2018). Este proyecto se enmarca en una iniciativa internacional para documen-

tar la historia de la humanidad en los últimos 10.000 años utilizando restos humanos encontrados en investigaciones arqueológicas. En total, el proyecto dispone de datos de dientes encontrados en 139 excavaciones en 25 países europeos, con una media de 370 muestras por país. En concreto, se estudia la presencia (o ausencia) de un marcador biológico encontrado en los dientes, llamado hipoplasia lineal del esmalte. Este marcador se asocia con lesiones permanentes en los dientes causadas por trauma, desnutrición o enfermedades durante la vida de una persona y, por lo tanto, describe el estado de salud que tuvo una persona durante su vida. Observando la media de la población masculina y femenina afectada por esta lesión se puede obtener una medida agregada de la desventaja femenina en el pasado. Damann *et al.,* correlacionan esta m edida histórica con las opiniones expresadas por los entrevistados en la *Encuesta Europea de Valores* (2008 y 2017). Su investigación demuestra que allí donde las mujeres estaban en una peor posición relativa en el pasado (incluso remoto), se encuentran hoy actitudes menos igualitarias.

3. El estrés tóxico en el estudio de la trampa de la pobreza

Nuestra comprensión conceptual de la pobreza y sus consecuencias sobre el bienestar individual y familiar, y más en particular, en el desarrollo infantil (es decir, crecer en un hogar pobre) ha avanzado de forma muy significativa en las últimas décadas. El primer gran salto adelante se ha producido al entender la pobreza como una realidad que trasciende a la privación monetaria y que encuentra causas directas en la salud física y mental, la inversión educativa, la falta de representación política, la exposición a la criminalidad y, más en general, a riesgos. Estos avances han sido liderados por científicos sociales que, desde distintas disciplinas, han estirado y tensionado argumentos clásicos en la disciplina sociológica, poniendo a prueba su vigencia empírica. Y han sido posibles gracias a las críticas de los pocos teóricos de la pobreza a la tendencia clásica de considerarla como un rasgo que caracteriza a ciertos individuos, más allá de su situación relacional (Desmond y Western, 2018).

Otro de los grandes avances consiste en una significativa mejora en el conocimiento sobre las consecuencias de la escasez de algún recurso fundamental, entre los que destacan todos los que se derivan de la pobreza monetaria. En 2013 se publicaron dos trabajos muy relevantes a este respecto que, desde las ciencias sociales, mostraban cómo la forma de pensar en contextos de escasez tiene características propias. Uno de ellos es el famoso libro *Scarcity: Why having too little means so much* (Mullainathan y Shafir, 2013); el otro, publicado en la revista *Nature*, mostró, desde la experimentación en ciencias sociales, cómo, ante retos relativamente comunes en el día a día, la pobreza daba forma a ciertos procesos sociales (Mani *et al.,* 2013). Las personas en situación de pobreza luchan diariamente con el reto de equilibrar escasos ingresos y gastos a veces impredecibles, un contexto claramente adverso para la toma decisiones difíciles. Debido a que el sistema cognitivo humano tiene una capacidad limitada, estas preocupaciones constantes dejan menos recursos cognitivos disponibles para guiar elecciones y acciones. El argumento de que existe un vínculo causal, y no meramente correlacional, entre la pobreza y la función mental sugiere que vivir en condiciones de escasez afecta directamente a la capacidad cognitiva de las personas.

Las implicaciones neurológicas de la pobreza han generado caudales de evidencia (Katsnelson, 2015). Pero, además, estudios más generales apuntan a la existencia de mecanismos biológicos que dan cuenta de cómo la pobreza enraíza "bajo la piel". A partir de esta evidencia, muchos análisis sobre la pobreza y la trampa de la pobreza se han centrado en el modelo del estrés crónico; es decir, en la idea de que estar expuesto de forma sistemática a restricciones y eventos que generan estrés tiene consecuencias adversas en el organismo. Uno de los más conocidos es el hecho de que la pobreza distorsiona el proceso conocido como homeostasis, esencial para la supervivencia y el funcionamiento adecuado de los organismos vivos. Cuando una persona vive en condiciones de pobreza, estos mecanismos pueden verse continuamente sobrecargados. La falta de recursos básicos, como una alimentación adecuada, vivienda segura y acceso a atención médica, puede generar un estrés crónico y prolongado que pone en riesgo la homeostasis. Este estado de estrés constante se conoce como carga alos-

tática, un concepto en alza en los estudios sobre la pobreza y la desventaja social que fue descrito por primera vez por el neurocientífico y endocrinólogo Bruce McEwen hace casi tres décadas (1998). La carga alostática se refiere al desgaste fisiológico acumulativo que resulta de la exposición crónica a factores estresantes. En condiciones de pobreza, los individuos están sujetos a una variedad de estresores constantes –como la inseguridad económica, la violencia comunitaria y la discriminación– que activan repetidamente los mecanismos de respuesta al estrés del cuerpo, incluyendo el eje hipotalámico-pituitario-adrenal (HPA) y el sistema nervioso simpático. Con el tiempo, esta activación continua puede dañar múltiples sistemas corporales y aumentar el riesgo de enfermedades crónicas, como enfermedades cardiovasculares, diabetes y depresión. La evidencia demuestra que la carga alostática crece en contextos sociales menos favorecidos (Schulz *et al.,* 2012) y es sistemáticamente mayor cuando se ha crecido en un hogar pobre (Misiak *et al.,* 2022).

Por otro lado, la integración de la neurociencia en el estudio de la pobreza infantil permite una comprensión más profunda de sus impactos. Las técnicas como la neuroimagen y la epigenética revelan cómo el estrés y las adversidades ambientales se "imprimen" en el cerebro y en la expresión genética de los niños. Esto no solo compromete el rendimiento académico y el desarrollo social del niño, sino que también puede tener efectos duraderos en su salud mental y física. Diversas técnicas, como la neuroimagen, la neuroendocrinología, la psicofisiología cognitiva y la epigenética están comenzando a documentar las formas en que las experiencias tempranas de vivir en la pobreza afectan el desarrollo cerebral de los niños (Pollak y Wolfe, 2020).

En resumen, incorporar la neurociencia en el estudio de la pobreza y, en particular, de la pobreza infantil es cada vez más necesario. Proporciona un enfoque más integral para entender y combatir los efectos devastadores de la pobreza en el desarrollo infantil y puede guiar políticas e intervenciones que promuevan un desarrollo saludable y equitativo para todos los niños, independientemente de su origen socioeconómico. Reducir la exposición al estrés crónico y promover hábitos de vida saludables son cruciales para disminuir la carga alostática y mejorar la salud y el bienestar general de los individuos. Por lo tanto, es evidente que la pobreza no solo afecta las condiciones materiales de vida, sino que también tiene profundas implicaciones biológicas sobre las que se asienta la trampa de la pobreza.

4. El papel de la genética en la transmisión de ventaja social

Con todo, si hay una forma en la que la biología ha permeado la agenda de investigación de las ciencias sociales, es a través de la genómica. De los ejemplos presentados aquí hasta ahora, quizás el del estudio de la forma en que la genética determina el comportamiento social es el que más interés ha despertado entre sociólogos, demógrafos y epidemiólogos.

La primera relación entre las ciencias sociales y la genética resultó ser una experiencia muy desafortunada que se plasmó en las teorías más deterministas del comportamiento humano que han visto la luz. Las explicaciones más racistas y esencialistas sobre las diferencias entre grupos humanos encontraron en la especulación de base genética legitimidad intelectual. Sin embargo, aunque aún perduran muchas reticencias, se puede decir que desde 2005 vivimos el despegue de la sociogenómica, una nueva rama de investigación sociológica que, gracias al abaratamiento de la tecnología necesaria y de la amplia puesta a disposición de datos relevantes, estudia los fundamentos genéticos del comportamiento social (Mills y Tropf, 2020).

La sociogenómica hoy puede abordar cuestiones sociológicas de larga tradición en la agenda de investigación de los científicos sociales, en particular, en temas como la fecundidad, el logro educativo, la movilidad social intergeneracional, el bienestar, las adicciones, los comportamientos de riesgo y la longevidad. Pero esta verdadera revolución del conocimiento básico tiene antecedentes en herramientas de largo recorrido en las ciencias sociales empíricas como los estudios de hermanos (*sibling studies*) o de gemelos (*twin studies*) dicigóticos (que comparten el 50 por ciento de su material genético) o monocigóticos (que comparten el ciento por ciento). Este tipo de bases de datos permitieron inicialmente controlar la similitud genética de

los participantes en esos estudios para, posteriormente, predecir su comportamiento. La idea de partida de estos estudios protogenéticos es que, si un rasgo es heredable y se mantienen constantes las influencias ambientales, los individuos más relacionados genéticamente deberían ser más similares (Polderman *et al.,* 2015).

En la carrera por desvelar los fundamentos genéticos del comportamiento humano, muchos estudios han cometido excesos. Quizás los ejemplos paradigmáticos se puedan encontrar en los estudios de "genes candidatos". Estos diseños de investigación tratan de asociar estadísticamente rasgos personales o propensiones a desarrollar ciertas enfermedades, con un número limitado de ubicaciones específicas en el genoma que se seleccionan por su supuesta relevancia biológica. Aunque esta idea pueda seguir teniendo vigencia en el estudio de ciertas características como la obesidad, se llegó a utilizar demasiado mecánicamente para predecir el riesgo de comportamientos sociales extraordinariamente complejos. Un ejemplo notorio es el muchas veces desmentido estudio de Caspi *et al.* (2002) sobre la región 5-HTTLPR, en el que la propensión genética a ser maltratador se asoció con la experiencia de haber padecido maltrato en la infancia. Como otros estudios de "genes candidatos", la mera correlación estadística sin una fuerte teoría subyacente puede llevar a confundir la pura especulación con el conocimiento científico. El estudio ha sido denunciado como una mala práctica en la investigación sociogenómica y, de hecho, los diseños de investigación de "genes candidatos" se prodigan ahora poco en el ámbito de los estudios sociogenómicos.

Un avance con respecto a esta lógica lo aportan los estudios de asociación del genoma completo (*genome-wide association studies* o *GWAS*). Estas investigaciones utilizan los genomas disponibles para buscar la asociación estadística de cientos de miles de variantes genéticas con cualquier rasgo o comportamiento social. La lógica de estos diseños de investigación basados en *GWAS* es también puramente inductiva y, como los estudios de "genes candidatos", también estos se hallan libres de hipótesis de partida. El verdadero avance que representaron procedía de la mejora en la capacidad de computación propia de los tiempos más recientes. La computación masiva ha permitido la creación de índices sintéticos de determinación genética del comportamiento social que, ya con cierta frecuencia, se encuentran disponibles en las grandes infraestructuras estadísticas de nuestro tiempo (algunas de las mencionadas en el último apartado de este artículo son un buen ejemplo). Estos índices se conocen como puntuación poligénica (*poligenic genetic scores* o *PGS*). Los PGS se derivan de los estudios de asociación del genoma completo y se presentan en la forma de una variable cuantitativa única que resume la predisposición genética a un rasgo o comportamiento particular. Dicho de otra manera, una *PGS* toma en cuenta las pequeñas contribuciones de muchas variantes genéticas para estimar la predisposición genética total de una persona a un rasgo o comportamiento de interés.

Quizás los lectores más exigentes encuentren molesta esta presentación poco crítica con la llamada sociogenómica. De entre los varios matices que deben ser tenidos en cuenta a la hora de hacer justicia a su estado de la cuestión, se exponen a continuación cuatro principales.

- En primer lugar, mientras vivimos en una época de gran ortodoxia en los diseños de investigación, la sociogenómica, con algunas excepciones, ha elevado a la categoría de avance científico puras correlaciones estadísticas. Muchos científicos sociales se centran en la asociación de causas y efectos, y optan por la experimentación como una práctica ya habitual frente a los estudios observacionales o puramente correlacionales sobre los que se había desarrollado la mayor parte de las ciencias sociales. Paradójicamente, esta revolución por la identificación causal, que incluso está empobreciendo la perspectiva teórica de muchas ciencias sociales, convive tranquilamente con la importación de explicaciones genéticas extraordinariamente confusas y solo sustentadas en correlaciones estadísticas.

- En segundo lugar, la mayor parte de las poblaciones sobre las que se ha construido la revolución sociogenómica se encuentran en el norte de Europa (con Islandia como punta de lanza), el Reino Unido y los Estados Unidos. Esto sugiere que aún es pronto para desechar la idea de que la diversidad genética del ser humano esté debidamente controlada en los estudios sociogenómicos.

- En tercer lugar, el tamaño de las muestras es aún insuficiente como para descartar un grado alto de inestabilidad en muchas de las afirmaciones que se pueden realizar en la actualidad.

- En cuarto y último lugar, la lotería genética no es independiente de nuestra suerte. Los procesos de "cierre social" –como, por ejemplo, la rigidez de ciertos mercados matrimoniales– pueden explicar por qué ciertas combinaciones de genes se asociarían estadísticamente con rasgos y comportamientos sociales de éxito.

Por todo ello, es posible que el conocimiento actual sobre la determinación genética del comportamiento esconda aún cierta "heredabilidad oculta". Esta varía considerablemente de acuerdo con las revisiones de la evidencia disponible: 0 por ciento para la altura, un 20 por ciento para el índice de masa corporal, 37 por ciento para la educación, 40 por ciento para la edad al primer nacimiento, y hasta un 75 por ciento para el número de hijos (Tropf *et al.,* 2017). Es probable que muchas de las afirmaciones que ahora hace la sociogenómica solo reflejen la heterogeneidad en la medición de los fenotipos o las interacciones gen-ambiente, más que la heterogeneidad genética. Todo ello sugiere que el siguiente paso en la revolución genómica de las ciencias sociales traerá consigo, por un lado, la ampliación de muestras incorporando más casos y más poblaciones de otros contextos culturales y fenotípicos y, por otro lado, el análisis en profundidad de la interacción gen-ambiente.

En efecto, una de las fuentes de dificultad en el estudio de la determinación genética del comportamiento reside en el hecho de que los mismos genes pudieran expresarse de distinta forma en distintos contextos sociales. La epigenética es el estudio de las diferentes formas en que los genes se expresan según el entorno en el que viven los individuos. Mientras que la genética podría conducir a hacer afirmaciones como que la determinación genética de un comportamiento dado podría explicar una parte de la varianza de su comportamiento social, la epigenética apuntaría a diferencias en la forma en la que una misma dotación genética puede manifestarse.

El gran avance tecnológico que ha permitido incorporar la epigenética al estudio del comportamiento social consistió en documentar la metilación del ADN en poblaciones humanas. Si el ADN puede entenderse como un conjunto de instrucciones para el correcto funcionamiento de las células, la metilación es un límite a la aplicación de algunas de estas instrucciones. Este proceso ocurre cuando se añaden pequeñas etiquetas químicas (llamadas grupos metilo) a ciertas partes del ADN. Aunque estas etiquetas no cambian la secuencia del ADN, pueden bloquear o permitir que se lea y se utilice cada una de las instrucciones que conllevan. Así, a través de la metilación, la epigenética social trata de comprender cómo las influencias sociales pueden afectar la expresión génica de aquellas dimensiones de la realidad humana con relevancia social. Si bien esta fuente de conocimiento social se encuentra aún limitada por aspectos relacionados con la calidad de los datos (Evans *et al.,* 2021), su futuro es prometedor.

Para cerrar este apartado, parece lógico poner alguno de los innumerables ejemplos en los que la inclusión de la sociogenómica ha supuesto un significativo progreso en la agenda de las ciencias sociales. Pero, también, y para hacer justicia al potencial de las ciencias sociales tradicionales, conviene ofrecer algún ejemplo más en el que la genómica se haya beneficiado de este contacto. Pongamos, por lo tanto, dos ejemplos. El primero pone de manifiesto cómo las ciencias sociales reciben herramientas hasta ahora no utilizadas en su investigación empírica para avanzar en la frontera del conocimiento. El segundo ilustra cómo los argumentos clásicos de las ciencias sociales están refinando la investigación genómica.

El reciente artículo *The nurture of nature and the nature of nurture: How genes and investments jointly shape children's skills,* de Houmark *et al.* (2024), proporciona evidencia robusta de que tanto los genes como las inversiones parentales juegan roles cruciales en el desarrollo de las habilidades infantiles. De ella se desprende la necesidad de integrar los factores genéticos en los modelos de formación de habilidades para entender mejor las dinámicas del desarrollo infantil, uno de los espacios de mayor crecimiento de las ciencias sociales en lo que va de siglo. Hasta este momento, las razones por las que los padres invierten más en unos hijos que en otros y, más en general, sus estrategias

de inversión en los hijos, se trataban como una especie de caja negra. Tomando como punto de partida modelos ampliamente asumidos en ciencias sociales para el estudio de la formación de habilidades tempranas (Cunha y Heckman, 2007), la investigación de Houmark *et al.,* identifica distintos canales a través de los cuales los genes influyen en la acumulación de habilidades desde el nacimiento hasta los seis años. En su modelo, consideran tres mecanismos principales: el efecto directo de los genes sobre las habilidades, la influencia de los genes del niño en las inversiones parentales (denominado *nurture of nature*) y las asociaciones genéticas familiares, que reflejan las diferencias genéticas en las interacciones parentales. La evidencia proporcionada muestra que los padres tienden a invertir más en niños con factores genéticos elevados, lo que refuerza las diferencias iniciales de habilidades. Este comportamiento de refuerzo se observa más en las etapas tempranas de la vida del niño. Un hallazgo clave del estudio es que las influencias genéticas se acumulan y aumentan con el tiempo. Al principio, los efectos genéticos sobre las habilidades son pequeños, pero a la edad de seis a siete años, un aumento de una desviación estándar en el factor genético del niño se traduce en un aumento de casi 0,2 desviaciones estándar en sus habilidades. Esta acumulación se debe tanto al efecto directo de los genes como al refuerzo parental de las diferencias genéticas iniciales. Estudios como este demuestran que ignorar los factores genéticos conduce a una sobreestimación de los retornos de las inversiones parentales. Además, identifican una heterogeneidad significativa en los retornos de las inversiones según la genética del niño que se escapa a los modelos que omiten los genes. Este enfoque permite identificar cómo los genes y las inversiones interactúan para influir en el desarrollo de habilidades y proporciona una comprensión más completa de los procesos subyacentes.

Pero las ciencias sociales no son solo receptoras netas de los avances que se han producido en otros campos de conocimiento. El segundo ejemplo, referido al emparejamiento selectivo, así lo demuestra. La elección de parejas con características similares –lo que se conoce como emparejamiento selectivo– es una práctica común en la población humana que, si se ignora por los estudios genéticos, puede acarrear sesgos invisibles. Recientemente, Border *et al.* (2022) han conseguido demostrar la influencia del emparejamiento selectivo en las estimaciones de la correlación genética en varios aspectos socialmente relevantes. Y, naturalmente, este patrón de comportamiento social puede inflar las conclusiones de los estudios sociogenómicos más conservadores. Comparando los genotipos de distintas parejas, los autores evalúan las estimaciones de heredabilidad y las correlaciones genéticas. Por ejemplo, las correlaciones genéticas entre la altura y el índice de masa corporal, y entre la educación y los trastornos psiquiátricos, parecen reflejar en parte el emparejamiento selectivo, lo que sugiere que muchas de las correlaciones genéticas registradas en investigaciones publicadas podrían adolecer de sobreestimación. Los autores sugieren ajustar los modelos genéticos tradicionales para tener en cuenta el emparejamiento selectivo, lo que permitiría obtener estimaciones más precisas y fiables. Al identificar y corregir este sesgo, la investigación básica podría avanzar hacia una comprensión más precisa de la genética humana.

5. ¿Cómo impulsar este tipo de conocimiento de frontera disciplinar?

Para cerrar este ejercicio de diagnóstico del conocimiento interdisciplinar y la presentación selectiva de algunos ejemplos que ilustran su potencial, conviene hacer una mención a las herramientas que soportan este avance. Al hacerlo, además, se pone de relieve una de las más graves debilidades de nuestra apuesta por la fragmentación estadística en España y que impide que podamos vislumbrar el acceso a información de esta naturaleza en bases de datos con representatividad poblacional.

La mayor parte de los países desarrollados han empezado desde hace ya algunos años a incorporar en su repertorio de variables a disposición de los investigadores biomarcadores y algunas de las herramientas con las que se han podido construir los trabajos aquí discutidos. Gracias a los sistemas digitales, es posible recolectar y analizar estos datos a gran escala y con una precisión sin precedentes. Por economía del espacio me centraré en uno de los ejemplos más relevantes, el de *Understanding Society: The UK household longitudinal study* en el Reino Unido, una de las mayores y más ambiciosas encuestas longitudinales del mundo. Este estudio sigue a

miles de individuos a lo largo del tiempo, recopilando datos detallados sobre varios aspectos de sus vidas, con el fin de mejorar la comprensión de los cambios en la sociedad del Reino Unido y cómo estos afectan a los individuos y a las familias. La propia web[1] del estudio incorpora múltiples ejemplos de la utilidad de esta macroinfraestructura estadística, tanto en el terreno de la investigación básica como en el de la investigación aplicada y la transferencia de conocimiento, también en las políticas públicas.

Desde la primera ola del estudio se han formulado preguntas sobre la salud general de los participantes. En las segunda y tercera olas se han realizado evaluaciones de salud a cargo de enfermeras registradas, recolectando medidas biomédicas de aproximadamente 20.000 adultos. Estas medidas incluyen presión arterial, peso, altura, circunferencia de la cintura, grasa corporal, fuerza de agarre y función pulmonar. Además, se han tomado muestras de sangre para obtener datos de biomarcadores tales como niveles de grasa en la sangre (colesterol y triglicéridos), indicadores de diabetes (hemoglobina glucosilada HbA1c), medidas de inflamación y del sistema inmunológico (proteína C-reactiva de alta sensibilidad, fibrinógeno y seropositividad para CMV), indicadores de anemia (hemoglobina y ferritina), hormonas anabólicas (testosterona, DHEAs, IGF-1) o información sobre la salud cardiometabólica y diversos procesos neurológicos. Es importante destacar que desde hace unos años se incluye información para la construcción de relojes epigenéticos, entre la que destacan las puntuaciones poligénicas.

El avance más decisivo se ha producido en la ola 16, que comenzó a recoger información a principios de 2024, recolectando más datos biológicos. En términos de genética y epigenética, se ha realizado un escaneo del genoma en muestras de ADN de aproximadamente 10.000 personas, y un perfil de metilación en muestras de ADN de alrededor de 3.650 individuos.

Understanding Society aporta un ejemplo destacado de herramientas avanzadas que combinan la recolección de datos socioeconómicos y de salud con biomarcadores aprovechando las capacidades y l accesibilidad de la tecnología de datos. Otros estudios internacionales, como el *Health and Retirement Study* (*HRS*) en Estados Unidos, el *English Longitudinal Study of Ageing* (*ELSA*) en Reino Unido, el *Survey of Health, Ageing and Retirement* en diversos países europeos (*SHARE*), el *China Health and Retirement Longitudinal Study* (*CHARLS*) y el *Korean Longitudinal Study of Aging* (*KLoSA*), también integran datos socioeconómicos y de salud con diversas combinaciones de biomarcadores. Estos estudios permiten un análisis integral de la salud y el bienestar poblacional, incluyendo muestras de sangre y medidas físicas. Los estudios de cohorte infantil más importantes del mundo también han optado por este modelo. Algunos ejemplos como el *Avon Longitudinal Study of Parents and Children* (*ALSPAC*), el *Generation R Study,* el *Growing Up in Ireland* (*GUI*), el *Early Childhood Longitudinal Study* (*ECLS*) y el *Millennium Cohort Study* (*MCS*), recopilan datos exhaustivos sobre el desarrollo físico, emocional y socioeconómico de los niños, incorporando asimismo biomarcadores y datos genéticos.

Los que se han mencionado aquí solo son algunos de ejemplos de cómo muchas infraestructuras estadísticas, acompañadas de los avances científicos y tecnológicos, están adaptándose a la revolución esbozada en este artículo. Frente a ellas, España ha optado por un modelo de producción de estadística social que no cuenta con herramientas comparables, lo que limitará su capacidad para contribuir a estos avances en los próximos años. Nuestra apuesta por un sistema muy fragmentado de pequeñas operaciones estadísticas (en el que predominan las encuestas transversales, a menudo de una sola ola) debería ser superado con valentía por los principales agentes promotores de la estadística social y la investigación en ciencias sociales. De lo contrario, seguiremos anclados en la costumbre de que otros innoven para conocernos a nosotros mismos.

[1] https://www.understandingsociety.ac.uk/

Bibliografía

Bogaard, A., Ortman, S., Birch, J., Quequezana, G. C., Chirikure, S., Crema, E. R., Cruz, P., Feinman, G., Fochesato, M., Green, A. S., Gronenborn, D., Hamerow, H., Jin, G., Kerig, T., Lawrence, D., McCoy, M. D., Munson, J., Roscoe, P., Rosenstock, E., … Kohler, T. A. (2024). The global dynamics of inequality (GINI) project: Analysing archaeological housing data. *Antiquity, 98*(397), e6.

Caspi, A., McClay, J., Moffitt, T. E., Mill, J., Martin, J., Craig, I. W., Taylor, A., y Poulton, R. (2002). Role of genotype in the cycle of violence in maltreated children. *Science, 297*(5582), 851–854.

Cunha, F., y Heckman, J. J. (2007). Identifying and estimating the distributions of ex post and ex ante returns to schooling. *Labour Economics, 14*(6), 870-893.

Damann, T. J., Siow, J., y Tavits, M. (2023). Persistence of gender biases in Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences, 120*(12), e2213266120.

Desmond, M., y Western, B. (2018). Poverty in America: New directions and debates. *Annual Review of Sociology, 44*(1), 305–318.

Evans, L., Engelman, M., Mikulas, A., y Malecki, K. (2021). How are social determinants of health integrated into epigenetic research? A systematic review. *Social Science & Medicine,* 273, 113738.

Houmark, M. A., Ronda, V., y Rosholm, M. (2024). The nurture of nature and the nature of nurture: How genes and investments interact in the formation of skills. *American Economic Review, 114*(2), 385-425.

Katsnelson, A. (2015). The neuroscience of poverty. *Proceedings of the National Academy of Sciences, 112*(51), 15530–15532.

Kohler, T. A., Smith, M. E., Bogaard, A., Feinman, G. M., Peterson, C. E., Betzenhauser, A., Pailes, M., Stone, E. C., Marie Prentiss, A., y Dennehy, T. J. (2017). Greater post-Neolithic wealth disparities in Eurasia than in North America and Mesoamerica. *Nature, 551*(7682), 619–622.

Lalueza-Fox, C. (2022). *Inequality: A genetic history.* Mit Press.

Mani, A., Mullainathan, S., Shafir, E., y Zhao, J. (2013). Poverty impedes cognitive function. *Science, 341*(6149), 976–980.

McEWEN, B. S. (1998). Stress, adaptation, and disease: Allostasis and allostatic load. *Annals of the New York Academy of Sciences, 840*(1), 33–44.

Mills, M. C., y Tropf, F. C. (2020). Sociology, genetics, and the coming of age of sociogenomics. *Annual Review of Sociology, 46*(Volume 46, 2020), 553–581.

Misiak, B., Stańczykiewicz, B., Pawlak, A., Szewczuk-Bogusławska, M., Samochowiec, J., Samochowiec, A., Tyburski, E., y Juster, R.-P. (2022). Adverse childhood experiences and low socioeconomic status with respect to allostatic load in adulthood: A systematic review. *Psychoneuroendocrinology,* 136, 105602.

Mittnik, A., Massy, K., Knipper, C., Wittenborn, F., Friedrich, R., Pfrengle, S., Burri, M., Carlichi-Witjes, N., Deeg, H., Furtwängler, A., Harbeck, M., von Heyking, K., Kociumaka, C., Kucukkalipci, I., Lindauer, S., Metz, S., Staskiewicz, A., Thiel, A., Wahl, J., … Krause, J. (2019). Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe. *Science, 366*(6466), 731–734.

Mullainathan, S., y Shafir, E. (2013). *Scarcity: Why having too little means so much.* Macmillan.

Polderman, T. J., Benyamin, B., De Leeuw, C. A., Sullivan, P. F., Van Bochoven, A., Visscher, P. M., y Posthuma, D. (2015). Meta-analysis of the heritability of human traits based on fifty years of twin studies. *Nature Genetics, 47*(7), 702–709.

Pollak, S. D., y Wolfe, B. L. (2020). How developmental neuroscience can help address the problem of child poverty. *Development and Psychopathology, 32*(5), 1640–1656.

Schulz, A. J., Mentz, G., Lachance, L., Johnson, J., Gaines, C., e Israel, B. A. (2012). Associations between socioeconomic status and allostatic load: Effects of neighborhood poverty and tests of mediating pathways. *American Journal of Public Health, 102*(9), 1706–1714.

Steckel, R. H., Larsen, C. S., Roberts, C. A., y Baten, J. (Eds.). (2018). *The backbone of Europe: Health, diet, work and violence over two millennia.* Cambridge University Press.

Tropf, F. C., Lee, S. H., Verweij, R. M., Stulp, G., van der Most, P. J., de Vlaming, R., Bakshi, A., Briley, D. A., Rahal, C., Hellpap, R., Iliadou, A. N., Esko, T., Metspalu, A., Medland, S. E., Martin, N. G., Barban, N., Snieder, H., Robinson, M. R., y Mills, M. C. (2017). Hidden heritability due to heterogeneity across seven populations. *Nature Human Behaviour, 1*(10), 757–765.