

## La obsesión por la imagen

Obsession for images

José de la Fuente

Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos IREC (CSIC-UCLM-JCCM). Universidad de Castilla-La Mancha, Ciudad Real.  
[josedejesus.fuente@uclm.es](mailto:josedejesus.fuente@uclm.es)

### RESUMEN

Al ser humano siempre le ha obsesionado su imagen, quizás por ser la especie sobre el planeta con mayor diversidad fenotípica entre individuos. ¿Qué hace que seamos tan diversos fenotípicamente? Este trabajo resume la evolución de diferentes enfoques que se han usado para abordar esta pregunta y plantea una hipótesis para su estudio, todo ello ligado a la obra del artista plástico Armando Mariño (Santiago de Cuba, 1968). La obra de Mariño se abre a diversas interpretaciones y como exaltación crítica de la imagen aborda algunos de los aspectos de esta polémica. La obsesión por la imagen aún cautiva al ser humano y algunas invenciones como las "razas" y "tipos" humanos ensombrecen su análisis, pero la biología molecular brinda las herramientas necesarias para comprender la variación de fenotipos y otros rasgos complejos en la especie humana.

### ABSTRACT

Human beings have been always obsessed by their image, perhaps because we are the species with biggest phenotypic variation on the planet. Why are we phenotypically so diverse? This work summarizes the evolution of different approaches used to address this question and suggests a hypothesis for its study, all linked to the work of the artist Armando Mariño (Santiago de Cuba, 1968). Mariño's works are open to different interpretations and like a critical exaltation of the image address some of the topics of this discussion. The obsession for the image still captivates humans and some of the inventions such as human "races" and "types" complicate the analysis, but molecular biology offers the tools necessary to understand phenotypic variation and other complex traits in humans.

### PALABRAS CLAVE | KEYWORDS

evolución humana | genoma | fenotipo | imagen | Armando Mariño | human evolution | genome | phenotype | image

## Introducción

El ser humano (*Homo sapiens*) es la especie sobre el planeta con mayor diversidad fenotípica entre individuos. Si analizamos cualquier otra especie, aún las que se domesticaron y se seleccionaron genéticamente por cientos de años para habitar todas las latitudes del planeta como los perros (*Canis familiaris*) o los bovinos (*Bos taurus* y *Bos indicus*), no encontramos la diversidad de fenotipos que encontramos entre los humanos. El fenotipo se puede definir como la expresión del genotipo (contenido genético o genoma de un individuo) en un determinado ambiente. De ahí que el fenotipo se presenta como el resultado de la interacción entre factores genéticos (genotipo) y el ambiente. El fenotipo incluye tanto rasgos físicos como conductuales.

Al ser humano siempre lo ha obsesionado su imagen. ¿Qué hace que seamos tan diversos fenotípicamente? Esta pregunta nos ha inquietado desde hace mucho tiempo y para su respuesta han aparecido diversas aproximaciones al problema. En este trabajo se aborda la evolución de diferentes enfoques que se han usado para responder a esta pregunta y se plantea una hipótesis para su estudio con los últimos avances de la biología molecular.

La obra del artista plástico Armando Mariño (Santiago de Cuba, 1968) se usa en el trabajo para resaltar algunos de los aspectos de esta polémica. La obra de Mariño se abre a diversas interpretaciones (Mariño 2000, 2001, 2002; Pino Santos 2001; Mena y Harn 2007) y analiza de forma crítica la problemática que plantea el análisis de la imagen del ser humano como atributo distintivo y condicionante de su cualidad y condición social. Mariño no ignora el concepto de genotipo pero sugiere que este no basta para definir "razas" o "tipos" humanos y resalta la problemática social, económica y política asociada a estas

invenciones del mundo moderno. La obra de arte refleja la interacción del artista con su medio. Su lectura incorpora además las experiencias del espectador. De ahí que toda obra de arte pueda tener múltiples lecturas y estas serán tan variadas como diversidad existe entre individuos. La interrelación entre la obra de Mariño y el análisis propuesto en este trabajo es racional y evidencia la complementación entre ambos para abordar un tema que interesa a diversas áreas de la investigación y cuya actualidad es cada vez más urgente en muchas regiones del mundo.

## A su imagen y semejanza

Cuenta la Biblia que dios creó al ser humano a su imagen y semejanza. Pero tiene que haber sido al revés, el ser humano creó a los dioses a su semejanza. Por eso la imagen de los dioses es diferente en cada religión y el ser humano es la especie sobre el planeta con mayor diversidad fenotípica entre individuos.

El ser humano aprendió leyendo al ser humano. Al principio el ser humano representó su entorno, limitado por el estrecho mundo al que tenía acceso. Así aparecieron las representaciones de los humanos basadas en la imagen de sus semejantes y se acuñaron los patrones de belleza y superioridad en cada cultura. Con los años, algunos de estos patrones de belleza llegarían a dominar al mundo y a su mercado. Entonces aparecían las mismas imágenes en una enorme colección de famosos, dioses y vírgenes que poblaron las representaciones más antiguas de que tenemos noticia y las primeras publicaciones (véase, por ejemplo, Schedel 1493, figura 1).



Figura 1. Representación de personalidades de la Europa medieval. Página de *Quarta aetas mundi*, tomada de Schedel 1493. KGJ Colección, Ciudad Real.

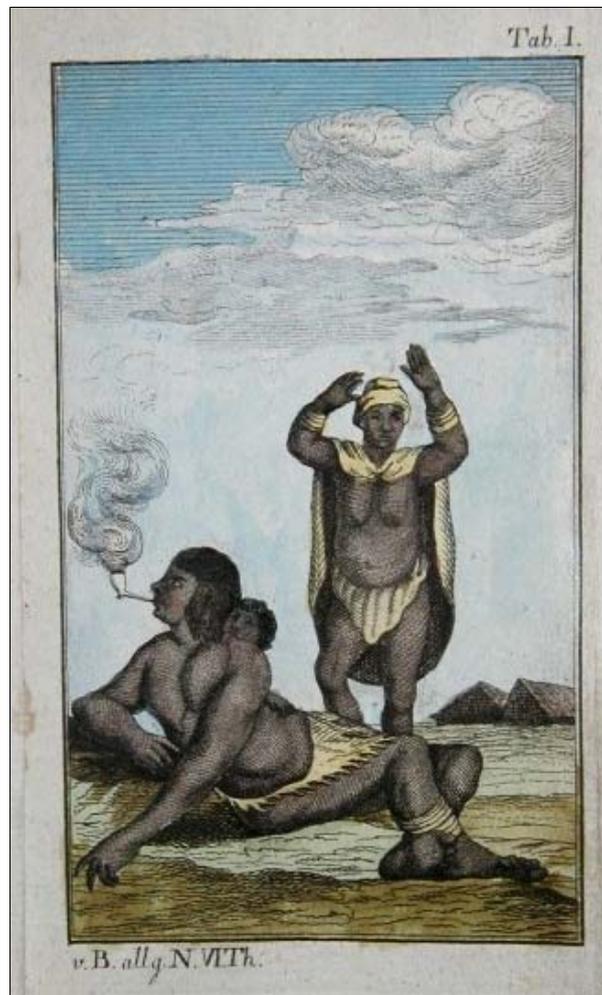


Figura 2. El enfoque antropológico en el siglo XVIII.  
Lámina I, tomada de Buffon 1785.

### El enfoque antropológico

En la medida en que se expande el universo del conocimiento, el ser humano se empieza a interesar por la antropología, y ésta se desarrolla en el siglo XVIII a partir de los trabajos de Georges Louis Leclerc, conde de Buffon (1707-1788) (Buffon 1785, figura 2). Aunque la pregunta antropológica es ante todo una pregunta por el otro, ese *otro* es el referente para la construcción de la identidad, puesto que ésta se construye por «oposición a» y no «a favor de». Entonces cada construcción antropológica termina por acuñar un patrón y la imagería asociada a él para diferenciarlo del resto. Nuevamente la imagen sirve a este propósito y aparecen multitudes de trabajos representando a las "razas" o "tipos" humanos (véase, por ejemplo, Nott y Gliddon 1855, figura 3). La imagen del ser humano aparecía en estos trabajos con sus diferencias fenotípicas que sirvieron para sustentar "científicamente" la invención de las "razas" con sus implicaciones sociales e históricas (figuras 4 y 5).

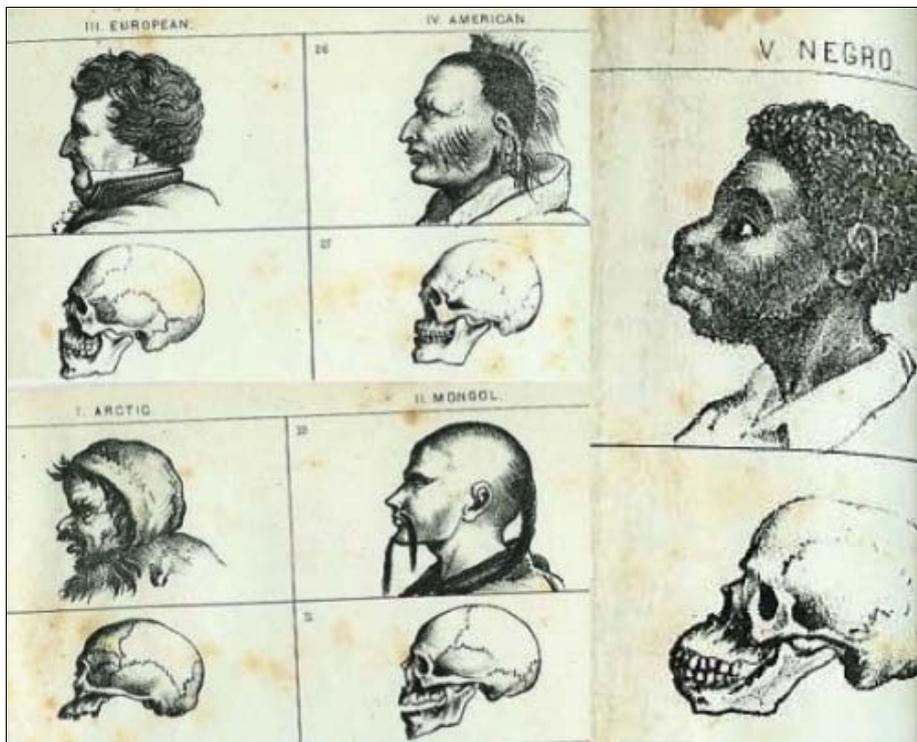


Figura 3. La antropología física en el siglo XIX. Lámina tomada de Nott y Gliddon 1855.

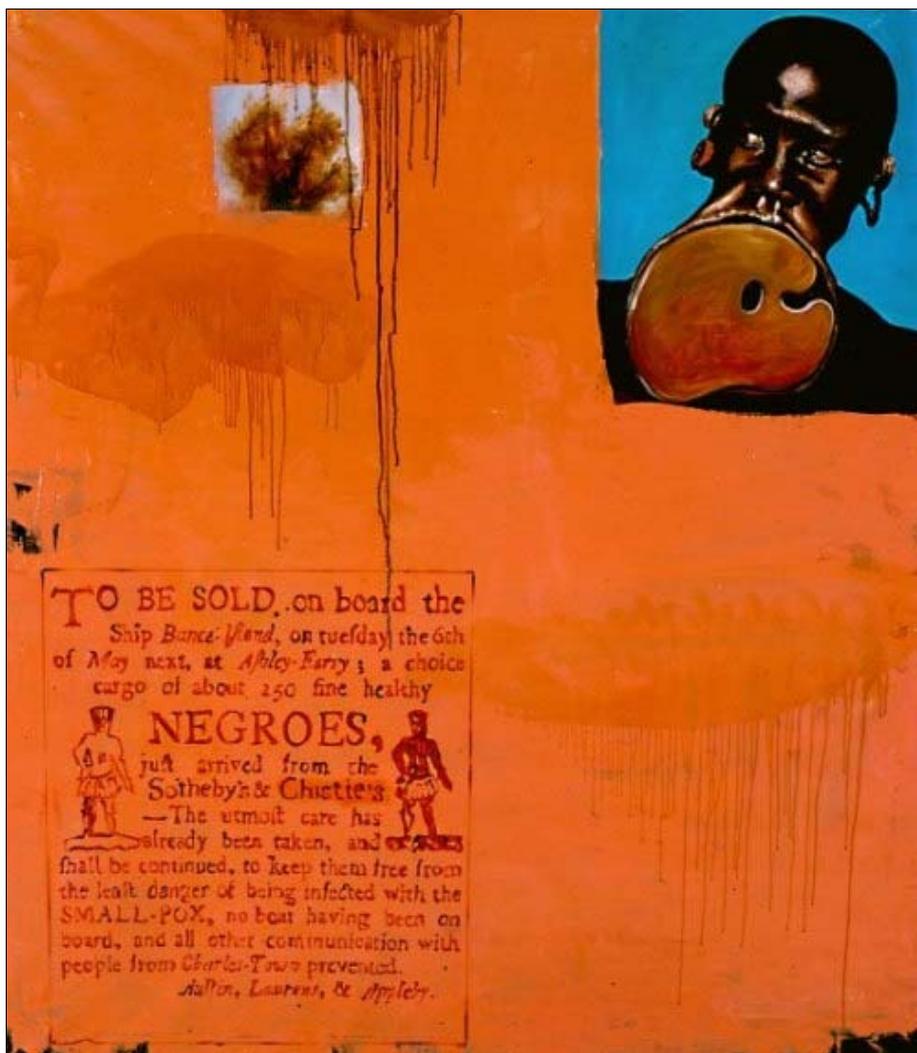


Figura 4. Armando Mariño, *Negroes*, óleo y acrílico sobre lienzo, 2001. KGJ Colección, Ciudad Real.



Figura 5. Armando Mariño, *Cuerpos dóciles*, acuarela sobre papel, 2000. KGJ Colección, Ciudad Real.

Con la invención de las "razas" y los "tipos" humanos aparecen argumentos para juzgar al ser humano según su imagen y defender que esta viene "codificada" desde el vientre materno. Proliferan a partir del siglo XIX multitud de estudios de "tipos" humanos, muchas veces asociados a aproximaciones costumbristas y folcloristas (véase por ejemplo, de Landaluze 1852 y 1881, figura 6). Esta forma de pensamiento se enraizó profundamente y jugó un papel fundamental en el desarrollo de las sociedades modernas (figura 7).

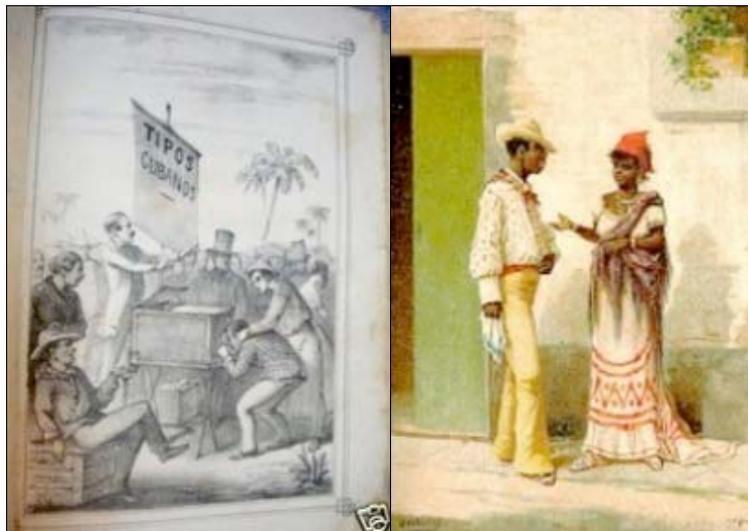


Figura 6. Descripción de "tipos" humanos. Láminas "frontispicio" y *Los negros curros* tomadas de De Landaluze, 1852 y 1881 respectivamente.

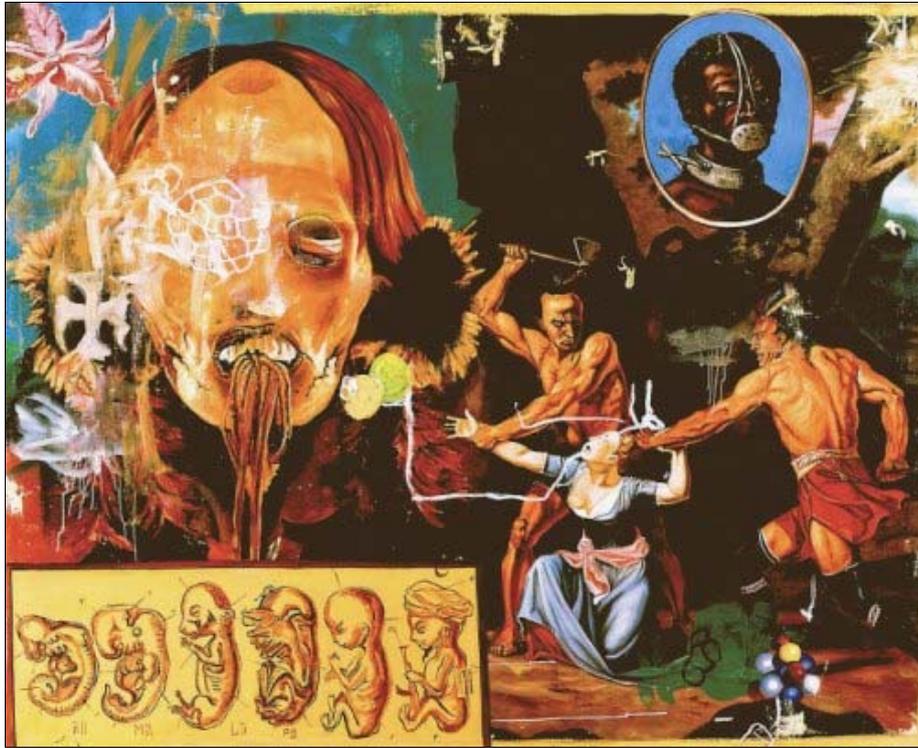


Figura 7. Armando Mariño, *Blood and honor*, óleo sobre lienzo, 2002. Colección del artista.

## Las migraciones

A todo esto se une el efecto de las migraciones que afectaron y aún afectan a la población del planeta en diferentes formas. Las migraciones se suceden por diversas razones que incluyen la necesidad de recursos, los cambios climáticos, las guerras y otras influencias políticas y económicas. Con las migraciones se empiezan a mezclar los genotipos humanos no sin dramáticas pruebas de intolerancia y sacrificio (figuras 8 y 9). Las migraciones han implicado un coste social muy elevado pero biológicamente han tenido un efecto esencial en descomponer el concepto inicial de "tipos" humanos. La imagen sigue evocando diferencias pero la mezcla crea nuevos genotipos con sus imágenes y la necesidad de buscar otras herramientas para su estudio.



Figura 8. Armando Mariño, *Vanitas*, óleo sobre lienzo, 2002-2003. KGJ Colección, Ciudad Real.



Figura 9. Armando Mariño, *Patera*, lápiz sobre papel, 2002. KGJ Colección, Ciudad Real.

## Del gen a la genómica

El desarrollo de la genética molecular viene a aportar las nuevas herramientas para el estudio del ser humano (tabla I). Más allá de si el ser humano moderno se originó en África o hay más de un evento para explicar su origen, la respuesta a la pregunta sobre la variabilidad fenotípica del ser humano no está en la imagen, sino en el genoma (figura 10).

Cuando se desarrollaron las herramientas necesarias para el análisis del genoma completo, se abrió entonces la posibilidad de analizar si la variabilidad fenotípica entre individuos se podía explicar por las diferencias entre los genomas. Aunque los genomas entre diferentes individuos se diferencian en la

secuencia por mutaciones de nucleótido simple, también existen múltiples deleciones, inserciones, repeticiones y translocaciones de diferentes tamaños. A pesar de todas estas diferencias, los genomas de dos individuos cualquiera son más del 99,9% idénticos (sirva de comparación el hecho de que el genoma humano tiene aproximadamente un 98,5-99% de identidad con nuestros parientes más cercanos, los chimpancés) (Li y Saunders 2005). Las diferencias en el genoma de diferentes individuos se originaron producto de estas mutaciones que ocurren durante la multiplicación celular. Estas mutaciones son la base de la diversidad genética.

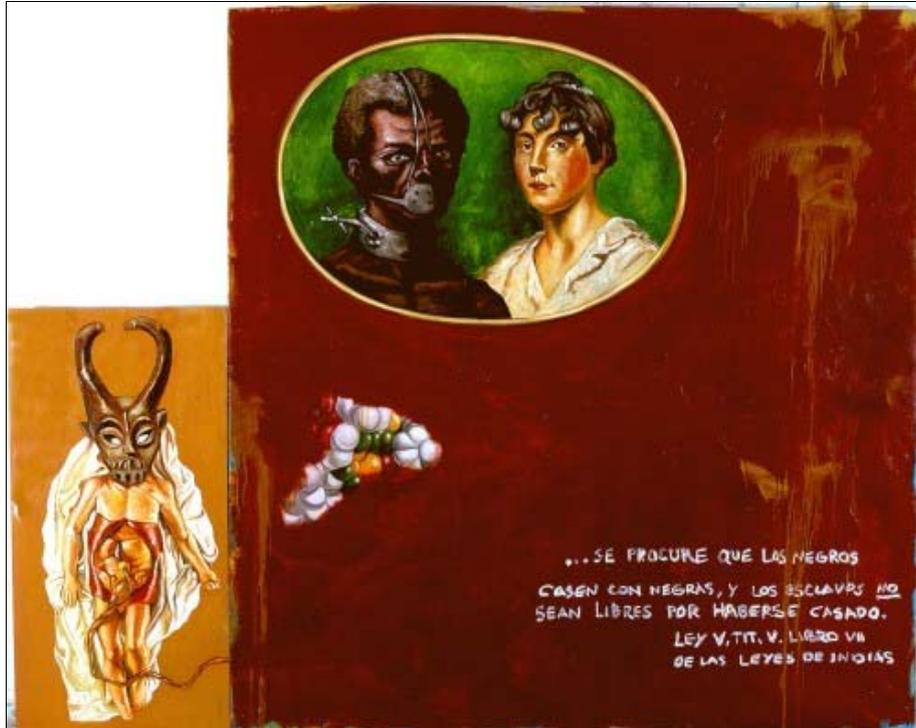


Figura 10. Armando Mariño, *Con permiso de mi antropólogo*, técnica mixta sobre lienzo, 2001. Colección del artista.

Fecha	Evento
1860	Después de experimentar con guisantes, el monje austriaco Gregorio Mendel define las reglas básicas de la herencia. El fenotipo está determinado por unidades discretas que se transmiten de una generación a la siguiente.
1909	El botánico danés Wilhelm Johansen acuña el término "gen" para la unidad asociada con la herencia, aún sin conocer su naturaleza físico-química.
1910	El trabajo de Thomas Morgan con la mosca de la fruta demuestra que los genes se sitúan en los cromosomas, llevando a la idea de que los genes son como cuentas en un collar.
1941	George Beadle y Edward Tatum introducen el concepto de que un gen codifica para una enzima.
1944	Los genes están hechos de ADN, según el hallazgo de Avery, MacLeod y McCarty.
1953	James Watson y Francis Crick publican la estructura química del ADN y emerge el dogma central de la biología molecular: la información genética transcurre del ADN al ARN a la proteína.
1977	Richard Roberts y Phillip Sharp descubren que los genes se pueden separar en segmentos y por tanto, un mismo gen puede codificar para varias proteínas.
1993	El primer microARN es identificado en nematodos. Se potencia el estudio y la aplicación de la interferencia con ARN (conocida en inglés como "RNA interference" o "RNAi").

1980-2000...	Desarrollo de la genómica, la proteómica, la transcriptómica o genómica funcional, otras "ómicas" y la biología de sistemas. El genoma se convierte en el sistema de estudio con el desarrollo de la genómica. La biología de sistemas reúne las herramientas necesarias para la comprensión del genoma y se replantea entonces como la biología cuantitativa de la función, la fisiología de conjuntos de partes bien definidas. Se adentra en el estudio del funcionamiento de los sistemas que operan a nivel de la célula, el órgano y el organismo.
--------------	--

Tabla I. Brevísimas historia de la genética molecular.

El análisis de las diferencias genotípicas entre individuos y especialmente las diferencias en el patrón de variación genómica en las diferentes poblaciones permite analizar, entre otras muchas cosas, la historia de la evolución de la especie humana. Durante miles de años, los grupos humanos se separaron y migraron a diferentes regiones del planeta acumulando durante ese proceso mutaciones, algunas azarosamente y otras porque los genes que confieren una ventaja en un ambiente pueden ser perjudiciales en otros. Cuando estos grupos o poblaciones crecieron, se redujeron o se mezclaron, algunas variaciones genómicas que eran raras pasaron a ser comunes y otras que eran comunes se convirtieron en raras. Toda esta historia está recogida en el genoma de las personas que habitan hoy el planeta y mediante su estudio se puede reconstruir la evolución de la especie humana. Las variaciones en el genoma también se pueden utilizar para estudiar la variabilidad fenotípica entre humanos y otros rasgos complejos como la susceptibilidad a las enfermedades (Emilsson *et al.* 2008). Estos rasgos complejos deben estar afectados por muchos genes diferentes y la única forma de caracterizarlos es mediante el estudio del genoma completo.

Sin embargo, es posible que las diferencias en el genoma no sean suficientes para explicar la variación fenotípica y otros rasgos complejos entre humanos. ¿Qué otra posibilidad existe para explicar estas diferencias? Para eso hay que estudiar la función de los genes, la expresión de moléculas (ácido desoxirribonucleico, ARN y proteínas) con actividad biológica. Un gen es una región que puede o no ser discreta de secuencia genómica, correspondiente a una unidad de herencia que está asociada con regiones reguladoras, regiones transcritas y otras secuencias funcionales. Ahora conocemos que el genoma contiene múltiples informaciones y códigos ordenados en varias capas de información biológica que controlan la expresión génica de forma constitutiva o inducida por diversos estímulos en determinadas células, tejidos y etapas del desarrollo. Descifrar esos códigos es un reto para la biología moderna. La colosal y trascendental tarea del área conocida como *evo-devo* es la de mapear la diversidad estructural sobre la diversidad y la dinámica de la regulación génica subyacente. Con la aplicación de los últimos desarrollos en la biología molecular es posible identificar los procesos moleculares que pueden haber llevado a los cambios fenotípicos observados y redirigir la atención de los investigadores hacia los detalles anatómicos más importantes para explicar la evolución (Koentges 2008).

Entonces es posible que las diferencias entre individuos se deban también a diferencias en los niveles de expresión de determinados genes. Muchas de las mutaciones que hacen diferente a los genomas entre individuos pueden afectar los niveles de expresión génica. Sin embargo, las diferencias en la expresión génica pueden originarse también en mecanismos estocásticos o azarosos de regulación de la expresión (Ko 1991; McAdams y Arkin 1997; Hartwell *et al.* 1999; de la Fuente 2000; Kaern *et al.* 2005). Estos mecanismos estocásticos pueden estar relacionados, por ejemplo, con variaciones en la concentración, capacidad de interacción y actividad de determinadas proteínas o ARN que funcionan como factores de regulación (Cahill *et al.* 1994; Calkhoven y Ab 1996; Kringstein *et al.* 1998; Bastiaens 2009). El ruido extrínseco surge de las variaciones intercelulares en los niveles de los factores que regulan la expresión génica. Sin embargo, el ruido intrínseco surge de la producción y destrucción al azar de ARN y proteínas como consecuencia de interacciones azarosas en las células (Newman y Weissman 2006). Como resultado de estas diferencias y para ilustrarlo de forma muy simplificada, es posible que un determinado gen esté inducido en una célula, órgano o individuo mientras que en otros está silenciado. Estas diferencias en la expresión génica pueden variar durante el desarrollo embrionario o en respuesta a determinados estímulos. Las herramientas que brinda la biología molecular moderna como la genómica, la genómica funcional y la proteómica pueden ayudar a descifrar este enigma y explicar el misterio que se oculta detrás de la imagen que ilustra la diversidad fenotípica en humanos.

## La hipótesis y sus implicaciones

Las diferencias en los niveles de expresión de determinados genes pueden deberse entonces a diferencias genéticas más la acción de mecanismos de regulación estocásticos. Estas diferencias en la expresión génica, unido a mutaciones genómicas pudieran ser la clave para explicar la enorme diversidad fenotípica entre los humanos. Inclusive si existe un continuo genético entre individuos y especies cercanas, son las diferencias microevolutivas suficientes para explicar la macroevolución sin considerar las diferencias en la expresión génica? Los datos actuales sugieren que no (Ellegren y Sheldon 2008; Pagel 2008). De hecho, resultados recientes sugieren que la complejidad de los organismos surge de la cada vez más compleja regulación de la expresión génica (Levine y Tjian 2003). No obstante, aún no sabemos el aporte relativo que tiene en la diferenciación la conservación y la variación en los niveles de expresión génica. Es muy probable que ambos tengan una contribución importante.

Las herramientas de la biología molecular aplicadas al estudio del genoma y la expresión génica pueden ayudar a explicar la diversidad fenotípica entre humanos para mitigar la obsesión por la imagen y contribuir al derrumbe del sustento pseudo-científico y amoral que se esconde detrás de la utilización de las "razas" y "tipos" humanos como forma de justificar injusticias y desigualdades sociales.

Esta hipótesis tiene una implicación importante. El conocimiento del genotipo no basta para definir al fenotipo. Los niveles de expresión génica y la interacción del genotipo con el ambiente producen la incertidumbre necesaria para evitar la asignación inequívoca del fenotipo a partir del genotipo.

De ahí que cualquier intento por asociar genes u otras secuencias genómicas como indicadores de determinadas "razas" o "tipos" humanos es científicamente infundado y conduce al error de tratar de explicar estas invenciones genéticamente. Los estudios del genoma más bien prueban lo contrario, demostrando que las poblaciones de los seres humanos que habitan hoy el planeta son una gran mezcla de genotipos con múltiples orígenes (Chakravarti 2009). Sin embargo, no por eso podemos ignorar la diversidad que existe a nivel del genoma entre individuos y grupos poblacionales, con polimorfismos geográficamente diferenciados que permiten agrupar a los humanos sobre la base de la estructura de su genoma y su efecto sobre la diversidad fenotípica y otros rasgos complejos como la susceptibilidad a las enfermedades (Kim *et al.* 2009; Reich *et al.* 2009). Como acertadamente comentan Lahn y Eisenstein (2009) debemos celebrar la existencia de esa diversidad genética. La diversidad genética entre individuos y entre grupos poblacionales enriquece y fortalece a nuestra especie y su estudio puede avanzar nuestros conocimientos sobre la evolución y la adaptación de la especie y resultar en nuevos desarrollos médicos. Negar la existencia de la diversidad genética no sólo es ignorar los resultados recientes del estudio del genoma y mutilar el desarrollo de la biomedicina, sino además promover la idea de que para solucionar el dilema moral asociado al concepto de "razas" y "tipos" humanos se debe promover un "igualitarismo" genético.

---

## Agradecimientos

Quisiera agradecer a Armando Mariño la gentileza de permitirme utilizar sus obras para este trabajo. También quisiera agradecer la contribución de Rubén Moradas Fernández con algunos grabados reproducidos en el trabajo. Este trabajo fue financiado parcialmente a través de los proyectos intramurales 2008301249 y PA1002025 del CSIC al autor.

---

## Bibliografía

Ávila Crespo, Remedios

2002 "Identidad, alteridad y autenticidad", en Pedro Gómez García (coord.), *Las ilusiones de la identidad*. Granada, Editorial Universidad de Granada: 195-220.

- Bastiaens, P.  
2009 "When it is time to die", *Nature* (London), 459: 334-335.
- Buffon, Conde de  
1785 *Allgemeine Naturgeschichte. Gefchter Band. Naturgeschichte des Menschen*. Troppau, Joseph Georg Trabler.
- Cahill, M. A. (y otros)  
1994 "Regulatory squelching", *FEBS Letters*, 344 (2-3): 105-108.
- Calkhoven, C. F. (y G. Ab)  
1996 "Multiple steps in the regulation of transcription-factor level and activity", *Biochemical Journal*, 317 (Pt. 2): 329-342.
- Chakravarti, A.  
2009 "Kinship: Race relations", *Nature* (London), 457: 380-381.
- De la Fuente, J.  
2000 "A stochastic model for type I interferon gene expression. Journal of Biochemistry", *Molecular Biology and Biophysics*, 4: 305-311.
- De Landaluze, V. P.  
1852 *Los cubanos pintados por si mismos. Colección de tipos cubanos*. Edición de lujo. La Habana, Imprenta y Papelería Barcina.  
1881 *Colección de artículos tipos y costumbres de la isla de Cuba por los mejores autores de este género*. Obra ilustrada por Víctor Patricio de Lanzaluze. La Habana, Fototipia Taveira.
- Ellegren, H. (y B. C. Sheldon)  
2008 "Genetic basis of fitness differences in natural populations", *Nature* (London), 452: 169-175.
- Emilsson, V. (y otros)  
2008 "Genetics of gene expression and its effect on disease", *Nature* (London), 452: 423-428.
- Hartwell, L. H. (y otros)  
1999 "From molecular to modular cell biology", *Nature* (London), 402: C47-C52.
- Kaern, M. (y otros)  
2005 "Stochasticity in gene expression: from theories to phenotypes", *Nature Reviews in Genetics*, 6 (6): 451-64.
- Kim, J. I. (y otros)  
2009 "A highly annotated whole-genome sequence of a Korean individual", *Nature* (London), 460: 1011-1016.
- Ko, M. S.  
1991 "A stochastic model for gene induction", *Journal of Theoretical Biology*, 153 (2): 181-194.
- Koentges, G.  
2008 "Evolution of anatomy and gene control", *Nature* (London), 451: 658-663.
- Kringstein, A.M. (y otros)  
1998 "Graded transcriptional response to different concentrations of a single transactivator", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95: 13670-13675.
- Lahn, B. T. (y L. Eisenstein)  
2009 "Let's celebrate human genetic diversity", *Nature* (London), 461: 726-728.
- Levine, M. (y R. Tjian)  
2003 "Transcription regulation and animal Diversity", *Nature* (London), 424: 147-151.

- Li, W.-H. (y M. A. Saunders)  
2005 "The chimpanzee and us", *Nature* (London), 437: 50-51.
- Mariño, A.  
2000 *Esculturas, dibujos, instalaciones. 1997-2000*. Galería Ángel Romero, Madrid. Gary Nader Fine Art, Miami. Impreso en Madrid, 2000.  
2001 *In Utero*. Gary Nader, Miami, August, 2001.  
2002 *Arte en las venas*. Exposición en la Sala Rivadavia, Museo Cruz Herrera, La Línea de la Concepción, Cádiz, 11 enero-17 febrero 2002.
- McAdams, H. H. (y A. Arkin)  
1997 "Stochastic mechanisms in gene expression", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 94: 814-819.
- Mena, A. G. (y S. P. Harn)  
2007 *Cuban Avant-Garde. Arte contemporáneo de la colección Farber*. Museum of Art, University of Florida, 29 mayo-9 septiembre 2007.
- Newman, J. R. S. (y J. S. Weissman)  
2006 "Many things from one", *Nature* (London), 444: 561-562.
- Nott, J. C. (y G. R. Gliddon)  
1855 *Types of Mankind: or, Ethnological researches, based upon ancient monuments, paintings, sculptures, and crania of races, and upon their natural, geographical, philological, and biblical history: illustrated by selections from the inedited papers of Samuel George Morton*. Philadelphia, Lippincott, Grambo & Co.
- Pagel, M.  
2008 "Rice of the digital machine", *Nature* (London), 452: 699.
- Pino Santos, C.  
2001 *Fin de milenio. Nuevos artistas cubanos*. La Habana, Editorial Letras Cubanas.
- Reich, D. (y otros)  
2009 "Reconstructing Indian population history", *Nature* (London), 461: 489-494.
- Schedel, H.  
1493 *Liber Chronicarum (Crónicas de Nuremberg)*. Nuremberg, Anton Koberger.