

PRESERVADO EN

<https://calentamientogloblalacelerado.net>

ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA · GENÓMICA · DIVULGACIÓN

Razas humanas: una idea que la genómica no ha resucitado

Qué acierta, qué envejeció mal y cómo reescribir hoy un ensayo antirracial

Una revisión del artículo web y de sus imágenes a la luz de la antropología biológica, el ADN antiguo, la genética de poblaciones y los pangenomas publicados hasta agosto de 2026.

Artículo de análisis y actualización científica · 25 de agosto de 2026

El material examinado acierta en lo esencial: las categorías raciales de uso común no son divisiones naturales, discretas y jerárquicas de *Homo sapiens*. Diez años de ADN antiguo, biobancos más diversos y genomas casi completos no han devuelto validez biológica a «blancos», «negros» o «amarillos». Sí han obligado, en cambio, a contar la diversidad humana con más precisión: nuestra especie no es uniforme; presenta estructura geográfica, historias demográficas locales y mezclas continuas que las etiquetas raciales representan mal.

Esa distinción —continuidad sin uniformidad— es el centro de esta revisión. Permite conservar la intuición ética y científica del artículo original sin convertir el antirracismo en una simplificación de la genética. También permite corregir cifras, atribuciones y analogías que hoy debilitan un mensaje cuya importancia pública permanece intacta (AABA, 2019; NASEM, 2023; Hatchell et al., 2025).

Conclusión adelantada. La genómica contemporánea reconoce poblaciones, parentescos y ancestrías; no descubre en ellos un inventario universal de razas humanas. La estructura genética es

real, gradual, histórica y dependiente del muestreo. La raza, en cambio, es una clasificación social variable que puede producir consecuencias biológicas a través del racismo.

Una tesis que conserva su valor

El núcleo del artículo de Rafael Lomeña Varo puede formularse de modo sobrio: el aspecto externo no divide a la humanidad en unas pocas unidades biológicas estables; la variación cambia de frecuencia a través del espacio, y la historia humana es una historia de migraciones y mestizaje. La antropología biológica profesional sostiene expresamente que las categorías raciales no describen con exactitud la variación humana y que las poblaciones no son grupos continentales puros ni mutuamente excluyentes (Lomeña Varo, s. f.-a; AABA, 2019).

El texto también intuye algo hoy central en medicina y ciencias sociales: negar una taxonomía racial natural no equivale a negar el racismo. Las jerarquías sociales, la discriminación, la desigual exposición ambiental y el acceso diferencial a la atención sanitaria dejan huellas medibles en cuerpos y poblaciones. Por eso las academias científicas recomiendan no usar «raza» como sustituto de variación genética, pero tampoco borrarla cuando la pregunta es la inequidad social (AABA, 2019; NASEM, 2023; Hatchell et al., 2025).

Otra fortaleza es su voluntad de historizar el problema. Las páginas escolares de 1944 reproducidas en la web muestran cómo una clasificación que proclamaba una sola especie podía, acto seguido, dividirla por colores y atribuir a la llamada «raza blanca» mayor civilización e inteligencia. La contradicción no es un detalle: documenta el paso ilegítimo de describir rasgos a ordenar personas. Como recurso divulgativo, esa memoria visual es más poderosa que una abstracción.

“La pregunta científica útil no es si todos somos idénticos, sino si nuestras diferencias forman fronteras naturales, estables y jerárquicas. La evidencia responde que no.”

Síntesis de esta revisión

Ver diferencias no equivale a descubrir razas

La piel, el cabello, la estatura o ciertos rasgos faciales son variables biológicas reales. El error comienza cuando se supone que un pequeño conjunto de caracteres visibles recorta el resto del genoma en los mismos paquetes. No ocurre así: cada rasgo tiene su historia selectiva y demográfica. La pigmentación, por ejemplo, responde en gran medida a la radiación ultravioleta y ha evolucionado de manera convergente; sus gradientes no trazan por sí solos una genealogía total de la persona (Jablonski y Chaplin, 2010; AABA, 2019).

Es posible agrupar genomas con métodos estadísticos. Rosenberg y colaboradores mostraron que, con numerosos marcadores, los individuos podían asignarse con alta precisión a poblaciones de referencia; pero también advirtieron que los resultados dependían de qué poblaciones se muestreaban y de cómo se definía el problema. Serre y Pääbo mostraron a su vez que un muestreo geográfico más continuo reduce la apariencia de saltos continentales. Un algoritmo encuentra estructura porque la historia de migraciones deja correlaciones; no porque la naturaleza entregue una lista única de razas (Rosenberg et al., 2002, 2005; Serre y Pääbo, 2004).

Los datos recientes afinan ese punto. El programa All of Us ha analizado cientos de miles de genomas de ascendencias mucho más diversas que las cohortes clásicas y ha encontrado estructura fina y grados crecientes de mezcla en participantes más jóvenes. Es información imprescindible para controlar confusión estadística y mejorar la equidad de los estudios, pero no produce fronteras raciales: describe componentes ancestrales continuos, superpuestos y sensibles a la población de referencia La entrega genómica de 2024 comprendía 245.388 secuencias de calidad clínica y un 77 % de participantes de comunidades históricamente infrarrepresentadas. Es una escala nueva, no una taxonomía nueva (All of Us Research Program Genomics Investigators, 2024; Sharma et al., 2025).

Regla de lectura. «Se puede inferir ascendencia» y «existen razas biológicas» no son frases equivalentes. La primera describe una inferencia probabilística apoyada en referencias; la segunda postula clases naturales discretas, generales y estables.

Radiografía del material: fortalezas y fisuras

La tabla siguiente contrasta las afirmaciones más relevantes del artículo y sus imágenes con el estado del conocimiento. No todas las correcciones tienen el mismo peso: algunas son precisiones de lenguaje; otras afectan a la trazabilidad o a la exactitud factual del argumento.

Afirmación o recurso original	Evaluación con la evidencia actual
La humanidad forma un continuo fenotípico y genómico, no razas discretas.	Fortaleza central. La variación es mayoritariamente continua, reticulada y compartida. Conviene añadir que existe estructura poblacional fina sin que esta equivalga a razas (AABA, 2019; Sharma et al., 2025).
«La máxima diversidad [...] jamás alcanza más del 0,01 % del genoma».	Cifra incorrecta y además mezcla fenotipo con genoma. Considerando solo variantes de una letra se usa a menudo ~0,1 %; al incorporar otras clases, dos genomas difieren en promedio alrededor de 0,4 % (NHGRI, 2023a).
Puede haber más diferencia genética dentro de una familia que entre poblaciones distantes.	Formulación insostenible como regla general. Los familiares cercanos comparten identidad por descendencia. Lo defendible es que la mayor parte de la variación alélica se encuentra dentro de poblaciones y que sus distribuciones se solapan (Lewontin, 1972; Long et al., 2009).

Afirmación o recurso original	Evaluación con la evidencia actual
Dos escandinavos al azar serían tan distintos como un escandinavo y un senegalés.	Ilustra el solapamiento, pero es demasiado categórica. La distancia esperada depende de individuos, loci y métrica; el patrón medio sí conserva señal geográfica y permite inferir ascendencia (Rosenberg et al., 2002, 2005).
Homo sapiens nació en África oriental hace unos 150.000 años.	Ha envejecido. Jebel Irhoud amplió el registro de formas tempranas de H. sapiens a ~315.000 años y los modelos actuales favorecen una emergencia africana en red, no un único punto y fecha (Hublin et al., 2017; Ragsdale et al., 2023).
Cavalli-Sforza dirigió el Proyecto Genoma Humano y lo presentó al Senado en 1993.	Error de atribución. Fue impulsor del Human Genome Diversity Project, distinto del Human Genome Project. Su contribución a la genética de poblaciones y al estudio de genes, culturas y lenguas sí es fundamental (Cavalli-Sforza, 2005).
143 genetistas «de la Universidad de Stanford» rechazaron las tesis de Nicholas Wade.	El fondo es correcto; la afiliación, no. La carta reunió a más de cien genetistas de poblaciones de instituciones internacionales; no eran 143 especialistas de Stanford (Coop et al., 2014).
Las categorías del censo estadounidense prueban ignorancia biológica.	Crítica incompleta. El propio estándar federal declara que esas categorías son sociopolíticas, no genéticas. Pueden ser imperfectas y variables, pero sirven para medir discriminación y desigualdad (OMB, 2024; NASEM, 2023).
El test de fotografías revela que las diferencias no son sustanciales.	Útil como provocación ética, débil como experimento. No define «sustancial», no controla especie, raza animal, encuadre ni parentesco y fuerza una respuesta binaria. Las imágenes ilustran una idea; no la demuestran.

Las cifras: identidad no significa homogeneidad

El artículo usa el 0,01 % para subrayar nuestra semejanza. La intuición es buena, pero la cifra es demasiado pequeña. El dato popular de «99,9 % idénticos» cuenta sobre todo variantes de un solo nucleótido y funciona como aproximación pedagógica. El National Human Genome Research Institute advierte hoy que, al incluir inserciones, deleciones y variantes estructurales, dos genomas humanos son en promedio aproximadamente 99,6 % idénticos: unos 27 millones de nucleótidos pueden diferir respecto de una referencia típica (NHGRI, 2023a).

No existe contradicción entre una semejanza del 99,6 % y diferencias biomédicamente importantes. Una fracción pequeña de un genoma de más de tres mil millones de bases contiene millones de variantes, y sus efectos dependen del contexto. Tampoco existe una única cifra neutral: cambia si se cuentan sustituciones, secuencias ausentes, repeticiones o grandes reorganizaciones. La retórica de «somos casi idénticos» es moralmente comprensible, pero los derechos no necesitan que la diversidad sea diminuta; necesitan que ninguna diferencia justifique una jerarquía de dignidad.

El célebre análisis de Lewontin encontró que alrededor del 85 % de la variación en marcadores clásicos aparecía dentro de poblaciones locales. Esa conclusión sigue siendo útil contra la idea de bloques puros, aunque no implica que la fracción restante carezca de información colectiva. Muchos loci considerados a la vez permiten reconstruir historia y parentesco geográfico. La lección contemporánea combina ambas observaciones: gran diversidad intrapoblacional y señal poblacional multilocus (Lewontin, 1972; Rosenberg et al., 2002; Long et al., 2009).

África: un origen más antiguo, amplio y entrelazado

El manifiesto reproducido en la web sitúa el origen de nuestra especie en África oriental hace 150.000 años. Era una síntesis frecuente, pero ya no recoge la complejidad del registro. Los fósiles de Jebel Irhoud, en Marruecos, fueron datados en torno a 315.000 años y muestran que rasgos asociados a *Homo sapiens* estaban presentes mucho antes y lejos del este africano (Hublin et al., 2017).

La genómica tampoco favorece un relato de cuna única y reemplazo instantáneo. El modelo de «tallo débilmente estructurado» explica varios datos mediante poblaciones africanas ancestrales conectadas por flujo génico durante largos periodos (Ragsdale et al., 2023). Un modelo publicado en 2025 propuso incluso dos linajes ancestrales muy profundos —separados quizá hace ~1,5 millones de años y reunidos hace ~300.000— que contribuirían a todas las poblaciones actuales. Es una inferencia de modelo, no un nuevo consenso cerrado, pero refuerza una idea: el árbol humano se parece también a una red (Cousins et al., 2025).

El ADN antiguo multiplica los ejemplos de continuidad local y contacto. Genomas de unos 45.000 años de Ranis y Zlatý kůň restringen el pulso neandertal compartido por los no africanos actuales a hace aproximadamente 45.000–49.000 años; hoy esas poblaciones conservan en torno a un 2–3 % de ascendencia neandertal (Sümer et al., 2025). En el Sáhara verde, ADN de pastores neolíticos ha revelado una ascendencia norteafricana profundamente diferenciada y casos en los que prácticas culturales se expandieron con menos reemplazo poblacional del supuesto (Salem et al., 2025). El abrigo sudafricano de Oakhurst ofrece, por otra parte, unos 9.000 años de continuidad genética local antes de mezclas históricas más recientes (Gretzinger et al., 2024). Ningún ejemplo produce humanidad pura: todos describen contactos, aislamientos parciales y escalas cambiantes.

Qué cambia desde 2018. El origen africano se mantiene, pero ya no cabe reducirlo a un punto oriental hace 150.000 años. La evidencia reciente favorece una larga emergencia panafricana, con estructura interna, recombinaciones de linajes y mezclas posteriores con humanos arcaicos.

Del genoma de referencia al pangenoma

La revisión más profunda de la última década no consiste en haber encontrado razas, sino en haber descubierto cuánto faltaba en la propia infraestructura de lectura. Durante años, la mayoría de los análisis alineó ADN de personas diversas contra una secuencia de referencia esencialmente lineal. Esa práctica facilita la comparación, pero introduce sesgo: lo que no está en la referencia se detecta peor (Liao et al., 2023; NHGRI, 2023a).

El primer borrador del pangenoma humano reunió 47 ensamblajes diploides y añadió 119 millones de pares de bases a la referencia. Los genomas casi completos de 65 personas, publicados en 2025, cerraron el 92 % de huecos previos y catalogaron 1.852 variantes estructurales complejas. Otro análisis de 1.019 individuos de 26 poblaciones resolvió más de 100.000 variantes estructurales bialélicas y unas 300.000 repeticiones multialélicas; estas variantes concentran una gran fracción de las bases polimórficas (Liao et al., 2023; Logsdon et al., 2025; Schloissnig et al., 2025).

La ampliación continúa. El 1000 Chinese Pangenome, publicado en 2026, ensambló 1.116 genomas diploides y catalogó 405,3 millones de bases ausentes tanto de GRCh38 como de CHM13, además de decenas de millones de variantes pequeñas y más de cien mil variantes estructurales. Ese mismo año, 150 genomas khoisan y comparadores del sur de África revelaron más de 1,3 millones de variantes de una sola base que no figuraban en catálogos previos y una estructura local muy fina (Wang et al., 2026; Jaratlerdsiri et al., 2026).

Estos resultados no son un regreso de la raza; son una crítica a décadas de representación insuficiente. «Africano», «asiático» o «europeo» son escalas demasiado gruesas para muchas preguntas. A medida que el muestreo mejora, aparecen más variación compartida, más historia local y más individuos con ascendencias múltiples. La ciencia gana precisión cuando sustituye etiquetas heredadas por variables explícitas: localización, genealogía, referencias usadas, historia migratoria y contexto social (NASEM, 2023; Hatchell et al., 2025).

Estructura genética, salud y el peligro de confundir niveles

La estructura poblacional importa. Si un estudio asocia una variante con una enfermedad sin controlar diferencias de ascendencia, puede atribuir causalidad a una correlación demográfica. También importa porque las puntuaciones poligénicas entrenadas sobre todo en personas de ascendencia europea pierden rendimiento en otras poblaciones. Esa pérdida refleja frecuencias, desequilibrio de ligamiento, ambiente, medición y sesgo de muestra; no prueba la existencia de capacidades raciales (Martin et al., 2019; NASEM, 2023).

Un estudio de 2025 aporta un matiz especialmente pedagógico. Al analizar estructura fina y 53 rasgos cuantitativos, halló una correlación media de los tamaños de efecto genético de $0,98 \pm 0,07$ entre participantes de ascendencia africana y europea para 47 rasgos con potencia suficiente. Es decir: las frecuencias y el contexto estadístico pueden cambiar, pero muchos efectos causales son ampliamente compartidos. El dato no autoriza universalizar todos los resultados ni borrar diferencias locales; sí desmonta la inferencia apresurada de que la portabilidad imperfecta equivale a biología racial (Hu et al., 2025).

En clínica, una etiqueta social puede seguir siendo informativa sobre exposición a discriminación, vivienda, dieta, contaminación o acceso sanitario. Lo que no debe hacer es ocupar el lugar de una medición genética o ambiental concreta. La recomendación actual es declarar por qué se usa cada descriptor, cómo se obtuvo, cuáles son sus limitaciones y si responde a una pregunta social, geográfica o biológica (NHGRI, 2023b; NASEM, 2023; Hatchell et al., 2025).

Inteligencia, conducta y el salto que la evidencia no permite

El artículo acierta al desconfiar de la ruta retórica que parte de diferencias visibles, pasa por variación genética y termina declarando jerarquías cognitivas entre «razas». Ese razonamiento acumula problemas: categorías inestables, fenotipos complejos, entornos no equivalentes, sesgo de medición, estratificación poblacional y una inferencia del promedio grupal al individuo. Que un rasgo tenga heredabilidad dentro de una población y un ambiente no explica por sí mismo diferencias medias entre poblaciones.

La controversia de Una herencia incómoda ilustra además la necesidad de exactitud editorial. Los genetistas cuyos trabajos invocó Nicholas Wade afirmaron públicamente que la evidencia disponible no respaldaba sus conjeturas sobre sociedades humanas. El material original recoge bien ese rechazo, pero convierte a todos los firmantes en «143 expertos genetistas de Stanford». La carta fue internacional y reunió a más de un centenar de investigadores; una crítica sólida no necesita inflar la filiación (Coop et al., 2014).

También conviene moderar el argumento familiar del texto. Que dos hermanos difieran mucho en rendimiento no demuestra que la genética carezca de efecto; muestra que el desarrollo es multicausal y que el genotipo no determina un destino simple. En divulgación, sustituir una certeza racista por una certeza ambientalista reproduce el mismo error de reducción. La posición defendible es más exigente: los rasgos conductuales complejos son poligénicos, sensibles al ambiente y difíciles de comparar entre contextos, y las categorías raciales no son unidades causales adecuadas (NASEM, 2023).

El “test de conciencia”: una imagen eficaz, una prueba inválida

El documento gráfico adjunto presenta pares de caballos, gatos y perros de colores distintos y pregunta: «¿Ha observado alguna diferencia sustancial?». Como pieza de persuasión funciona porque separa color y valor: obliga al lector a reconocer que una diferencia visible no autoriza una jerarquía moral. Su ironía final busca exponer hasta qué punto la clasificación racial ha sido aprendida (Lomeña Varo, s. f.-b).

Pero no es un test psicológico ni un experimento científico. No define la variable «sustancial», no ofrece condición de control, no identifica especie, linaje o parentesco, no estandariza iluminación ni postura y solo admite sí/no. Además, las razas animales —en particular las caninas— son productos de selección artificial intensa, cuellos de botella y pedigrís relativamente cerrados. En perros, la estructura entre razas puede explicar cerca del 30 % de la variación genética y permitir asignaciones casi perfectas, una historia demográfica incomparable con la humana (Parker et al., 2004).

Incluso en perros, apariencia de raza no predice bien al individuo en todos los dominios: un estudio con más de 18.000 animales estimó que la raza explicaba alrededor del 9 % de la variación conductual individual. La lección visual más rigurosa sería, por tanto, doble: las diferencias existen y pueden ser heredables; su presencia no establece superioridad, esencia ni destino (Morrill et al., 2022).

Respuesta razonada al sí/no. NO, si «sustancial» significa una diferencia de especie, dignidad o jerarquía natural. Sí hay diferencias visibles y, en animales domesticados, algunas diferencias de linaje importantes. La ambigüedad confirma que la lámina es una pregunta retórica, no una medición.

Cómo convertir la lámina en un recurso didáctico

Límite actual	Reformulación recomendable
«Sustancial» no está definido.	Separar tres preguntas: qué diferencias se observan; si delimitan especies o linajes; y si justifican una jerarquía.
La respuesta binaria fuerza el efecto.	Pedir evidencia y grado de certeza. Distinguir descripción biológica, inferencia taxonómica y juicio moral.
Los animales domesticados confunden la analogía.	Explicar selección artificial, pedigrí y cuellos de botella antes de compararlos con poblaciones humanas.
Las fotografías carecen de metadatos.	Añadir especie o raza animal, procedencia, licencia, condiciones de toma y objetivo pedagógico.

TEST DE CONCIENCIA SOBRE LAS RAZAS HUMANAS

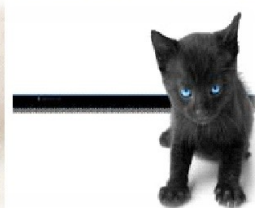


El experimento personal al que está a punto de someterse es con diferencia el test más sencillo que realizará a lo largo de toda su vida. No es el juego de las parejas, es una prueba psicológica que intentará dar respuesta a algo que, en esencia, es mucho más sencillo de lo que nos han hecho creer prácticamente desde que

gozamos del uso de la razón.

Si bien en los últimos siglos el pensamiento racional y la fuerza de la ciencia ha derrumbado mitos arraigados desde tiempos ancestrales, resulta curioso a la par que triste que una de las mayores conspiraciones en la historia de la humanidad basada, no ya en una teoría cuestionable sino en una burda hipótesis falsa a todas luces y sin ningún tipo de sustento científico, permanezca viva en la mente colectiva en pleno siglo XXI, la era de los mayores avances científicos y tecnológicos de los que tanto se suele alardear.

¿Qué puede entonces estar ocurriendo exactamente en el seno de la sociedad y en el propio cerebro del ser humano del siglo XXI para que una falsa creencia alimentada maliciosamente desde épocas coloniales se mantenga hoy en pleno vigor institucional?



La idea de una **división de la humanidad** en "razas" fundamentada en rasgos fenotípicos característicos de ciertas poblaciones, es

programada e inculcada en nuestra mente desde la primera fase de la socialización, la infancia, y reforzada a lo largo de nuestra vida por parte de las instituciones, produciendo un impacto a veces irreversible en nuestro cerebro en el sentido de pertenencia a un grupo, desarrollando en ciertos grupos estructuras mentales complejas



de rechazo ante la diversidad y difíciles de desaprender en la mayoría de individuos que lo conforman.

Si usted ha observado las parejas de fotografías que acompañan a este texto, posiblemente ya está preparado para hacer el *test de conciencia sobre "razas humanas"* respondiendo desde la objetividad:

¿Ha observado alguna diferencia sustancial en estas parejas de fotografías?

R. LOMENA

P.D. No se moleste en compartir este documento, seguramente no le interese a nadie.

Figura 1. Documento gráfico adjunto. Su contraste cromático es retóricamente eficaz, pero carece de diseño experimental y no debe leerse como prueba biológica.

Las imágenes escolares: memoria necesaria, procedencia insuficiente

Las dos reproducciones del manual español de 1944 integradas en la página web son el elemento histórico más valioso del conjunto. Hacen visible que el racismo científico no circuló solo en tratados especializados: entró en la enseñanza ordinaria y asoció color, civilización, religión e inteligencia. Esa pedagogía ayuda a explicar por qué las categorías sobreviven en el lenguaje cotidiano aun cuando su arquitectura biológica ha sido abandonada.

La fisura es documental. La página ofrece año y capturas, pero no autor, título completo, editorial, edición, páginas ni repositorio. Sin esa cadena de procedencia, el lector no puede verificar contexto, transcripción o representatividad. Para una publicación estándar debería acompañarse cada imagen con ficha bibliográfica, número de página, archivo de conservación y, si procede, licencia. El contenido visual puede ser auténtico y relevante; la trazabilidad sigue siendo una obligación distinta.

También conviene distinguir dos tesis. Es razonable sostener que la escuela contribuyó a naturalizar jerarquías. Es mucho más difícil probar, solo con dos páginas, que toda la sociedad occidental recibió un adoctrinamiento uniforme o que la persistencia actual responda a una estrategia coordinada. El artículo sustituye a veces historia causal por intención atribuida —«oscuros intereses», «programación mental», «grupos de poder»— sin documentación. La crítica gana fuerza cuando identifica instituciones, currículos, fechas y efectos medibles, y pierde cuando convierte una hipótesis plausible en conspiración general.

El censo no es un tratado de taxonomía

El texto censura que el censo de Estados Unidos y una entrada de Wikipedia clasifiquen habitantes como blancos, afroamericanos, asiáticos o pertenecientes a «dos o más razas». La incomodidad terminológica es legítima: esas casillas no equivalen a unidades genéticas y cambian con la política y la historia. Pero concluir que su mera existencia es un fraude biológico confunde funciones. Un censo no está clasificando subespecies; intenta describir identidades y desigualdades reconocidas socialmente.

La revisión federal estadounidense de 2024 lo dice de forma explícita: las categorías son construcciones sociopolíticas y no deben interpretarse como de naturaleza biológica o genética. El estándar permite selección múltiple, combina en una sola pregunta raza y etnicidad e incorpora una categoría de Oriente Medio y Norte de África. Se puede discutir su precisión, comparabilidad o efectos; no se debe evaluarlo como si aspirase a descubrir taxones humanos (OMB, 2024).

Borrar esos datos también puede impedir cuantificar discriminación. La solución recomendada no es absolutizar ni suprimir la categoría, sino definir el propósito: ascendencia genética cuando se estudia

genealogía; geografía cuando importa el lugar; raza o etnicidad autodeclarada cuando se estudia experiencia social; y variables ambientales concretas siempre que estén disponibles (NASEM, 2023; NHGRI, 2023b).

Una forma más sólida de decirlo

La redacción original es vehemente, accesible y moralmente nítida. Esa energía puede atraer a un lector no especializado y denunciar la continuidad del racismo. Sin embargo, los insultos, las generalizaciones sobre adversarios, las preguntas cargadas y las atribuciones de intención sustituyen en varios pasajes la demostración por el combate. La ciencia no queda mejor defendida cuando se presenta como una autoridad unánime que ya resolvió todos los matices.

El propio objeto web exige crítica de fuentes. Aunque se lo describa como texto de hace aproximadamente una década, conserva estratos temporales: alude en presente a la muerte de Cavalli-Sforza en 2018, mientras la cabecera y la navegación muestran actualizaciones o copyright hasta 2025. Una edición publicable debería consignar fecha original, historial de revisiones y fecha de consulta. Así el lector sabría qué afirmaciones pertenecen a cada momento y cuáles fueron añadidas después (Lomeña Varo, s. f.-a).

La versión científicamente más robusta evitaría tres extremos: negar la estructura genética para combatir el racismo; convertir la estructura en esencia racial; y tratar una categoría social como si fuera inútil porque no es un taxón. La fórmula correcta es menos contundente en apariencia, pero más resistente a la crítica: la variación humana tiene geografía e historia, carece de fronteras raciales naturales y no fundamenta jerarquías de valor.

Balance final

Vista desde 2026, la tesis principal del material no solo sobrevive: coincide con el marco de la antropología biológica y con las recomendaciones de las academias sobre descriptores poblacionales. Sus mejores recursos son la defensa del continuo humano, la separación entre apariencia y esencia, la denuncia de la jerarquización y la recuperación de imágenes escolares que muestran cómo se aprendió el lenguaje racial (AABA, 2019; NASEM, 2023).

Sus fisuras también son claras: el 0,01 % es erróneo; la comparación familiar y la frase escandinavo-senegalés son excesivas; el origen africano está fechado y localizado de forma anticuada; se confunden dos proyectos genómicos; se atribuye a Stanford una carta internacional; se interpreta el censo fuera de función; el test visual no es un experimento; y las capturas de 1944 carecen de procedencia completa. A ello se suma un tono que a veces imputa conspiración donde debería aportar evidencia.

Los estudios de 2024–2026 no reconstruyen viejas razas con nueva tecnología. Revelan algo más interesante: una humanidad antigua y entrelazada, con estructura a múltiples escalas, millones de variantes antes invisibles y efectos genéticos que con frecuencia se comparten entre ancestrías. Cuanto mayor es la resolución, menos defendible resulta comprimir esa historia en cuatro o cinco colores. La diversidad humana no necesita ser negada para defender la igualdad; necesita ser descrita sin convertir diferencia en destino.

“La raza es demasiado social para servir como gen y demasiado inestable para servir como taxón; la ascendencia es demasiado compleja para caber en una casilla de color.”

Conclusión editorial

Nota de método

Se revisaron el archivo HTML aportado, sus imágenes integradas y el documento gráfico adjunto. Las afirmaciones científicas se contrastaron con artículos revisados por pares, declaraciones profesionales, informes de academias y normas oficiales disponibles hasta el 25 de agosto de 2026. Cuando un resultado reciente depende de un modelo —como la estructura ancestral profunda propuesta en 2025— se presenta como inferencia y no como hecho cerrado. Las cifras se expresan con el alcance y la clase de variante especificados por la fuente.

Referencias

- American Association of Biological Anthropologists (AABA). (2019). AABA statement on race & racism. [Enlace](#)
- All of Us Research Program Genomics Investigators. (2024). Genomic data in the All of Us Research Program. *Nature*, 627, 340–346. [DOI](#)
- Cavalli-Sforza, L. L. (2005). The Human Genome Diversity Project: past, present and future. *Nature Reviews Genetics*, 6, 333–340. [DOI](#)
- Coop, G., et al. (2014). Letter: A troublesome inheritance. Stanford Center for Computational, Evolutionary and Human Genomics. [Enlace](#)
- Cousins, T., Scally, A. y Durbin, R. (2025). A structured coalescent model reveals deep ancestral structure shared by all modern humans. *Nature Genetics*, 57, 856–864. [DOI](#)
- Green, R. E., et al. (2010). A draft sequence of the Neandertal genome. *Science*, 328, 710–722. [DOI](#)
- Gretzinger, J., et al. (2024). 9,000 years of genetic continuity in southernmost Africa demonstrated at Oakhurst rockshelter. *Nature Ecology & Evolution*, 8, 2121–2134. [DOI](#)
- Hatchell, K. E., et al. (2025). Experience using conventional compared to ancestry-based population descriptors in clinical genomics laboratories. *American Journal of Human Genetics*, 112, 481–491. [DOI](#)
- Hu, S., et al. (2025). Fine-scale population structure and widespread conservation of genetic effect sizes between human groups across traits. *Nature Genetics*, 57, 379–389. [DOI](#)
- Hublin, J.-J., et al. (2017). New fossils from Jebel Irhoud, Morocco and the pan-African origin of *Homo sapiens*. *Nature*, 546, 289–292. [DOI](#)

- Jablonski, N. G. y Chaplin, G. (2010). Human skin pigmentation as an adaptation to UV radiation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107, 8962–8968. [DOI](#)
- Jaratlerdsiri, W., et al. (2026). A catalogue of early diverged contemporary human genome variation reveals distinct Khoe-San populations. *Nature Communications*, 17, 2573. [DOI](#)
- Lewontin, R. C. (1972). The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology*, 6, 381–398. [DOI](#)
- Liao, W.-W., et al. (2023). A draft human pangenome reference. *Nature*, 617, 312–324. [DOI](#)
- Logsdon, G. A., et al. (2025). Complex genetic variation in nearly complete human genomes. *Nature*, 644, 430–441. [DOI](#)
- Lomeña Varo, R. (s. f.-a; contenido con estratos de 2018–2025). *Teoría razas humanas. Test de conciencia sobre las razas humanas* [página web]. [Enlace](#)
- Lomeña Varo, R. (s. f.-b). *Test de conciencia sobre las razas humanas* [documento gráfico adjunto].
- Long, J. C., Li, J. y Healy, M. E. (2009). Human DNA sequences: more variation and less race. *American Journal of Physical Anthropology*, 139, 23–34. [DOI](#)
- Martin, A. R., et al. (2019). Clinical use of current polygenic risk scores may exacerbate health disparities. *Nature Genetics*, 51, 584–591. [DOI](#)
- Morrill, K., et al. (2022). Ancestry-inclusive dog genomics challenges popular breed stereotypes. *Science*, 376, eabk0639. [DOI](#)
- National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine (NASEM). (2023). *Using population descriptors in genetics and genomics research*. National Academies Press. [DOI](#)
- National Human Genome Research Institute (NHGRI). (2023a). *Human genomic variation*. [Enlace](#)
- National Human Genome Research Institute (NHGRI). (2023b). *Population descriptors in genomics*. [Enlace](#)
- Office of Management and Budget (OMB). (2024). Revisions to Statistical Policy Directive No. 15. *Federal Register*, 89 FR 22182. [Enlace](#)
- Parker, H. G., et al. (2004). Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*, 304, 1160–1164. [DOI](#)
- Ragsdale, A. P., et al. (2023). A weakly structured stem for human origins in Africa. *Nature*, 617, 755–763. [DOI](#)
- Reich, D., et al. (2010). Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*, 468, 1053–1060. [DOI](#)
- Rosenberg, N. A., et al. (2002). Genetic structure of human populations. *Science*, 298, 2381–2385. [DOI](#)
- Rosenberg, N. A., et al. (2005). Clines, clusters, and the effect of study design on the inference of human population structure. *PLoS Genetics*, 1, e70. [DOI](#)
- Salem, N., et al. (2025). Ancient DNA from the Green Sahara reveals ancestral North African lineage. *Nature*, 641, 144–150. [DOI](#)
- Schloissnig, S., et al. (2025). Structural variation in 1,019 diverse humans based on long-read sequencing. *Nature*, 644, 442–452. [DOI](#)
- Serre, D. y Pääbo, S. (2004). Evidence for gradients of human genetic diversity within and among continents. *Genome Research*, 14, 1679–1685. [DOI](#)
- Sharma, S., et al. (2025). Genetic ancestry and population structure in the All of Us Research Program cohort. *Nature Communications*, 16, 4123. [DOI](#)
- Sümer, A. P., et al. (2025). Earliest modern human genomes constrain timing of Neanderthal admixture. *Nature*, 638, 711–717. [DOI](#)
- Templeton, A. R. (2013). Biological races in humans. *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 44, 262–271. [DOI](#)
- Wang, Y., et al. (2026). The 1000 Chinese Pangenome empowers medical and population genetics. *Nature*, 654, 121–130. [DOI](#)