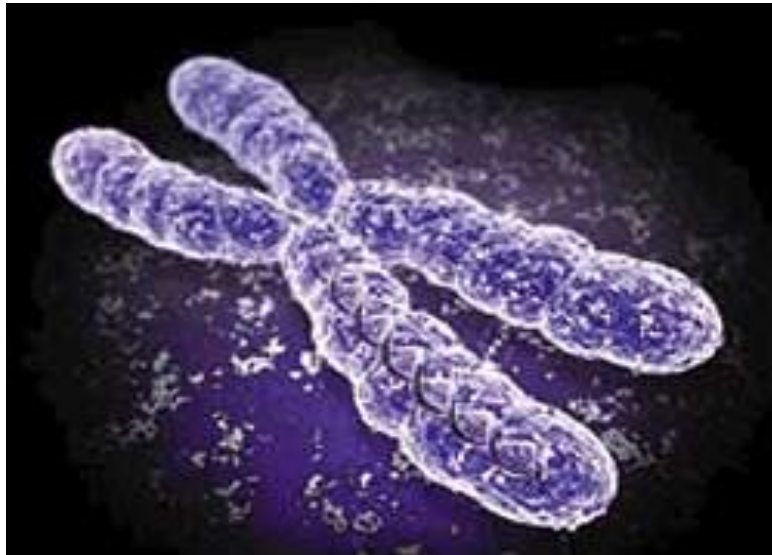


UNIDAD 4

LA REVOLUCIÓN GENÉTICA



1. LA GENÉTICA

- 1.1. Genética mendeliana
- 1.2. La teoría cromosómica de la herencia

2. CONCEPTOS BÁSICOS DE GENÉTICA MOLECULAR

- 2.1. Ácidos nucleicos
- 2.2. Cromosomas y genes
- 2.3. La transmisión de la información genética
- 2.4. La expresión de la información genética

3. LA BIOTECNOLOGÍA

- 3.1. Ingeniería genética
- 3.2. Células madre
- 3.3. Clonación

4. EL PROYECTO GENOMA HUMANO

1. LA GENÉTICA

Desde la Antigüedad, agricultores y ganaderos han seleccionado las plantas y animales domésticos para obtener el máximo rendimiento de ellos. Esta selección artificial se realizaba sin ningún conocimiento científico sobre la forma en que se transmitían las características biológicas de los progenitores a la descendencia.

El primer investigador que efectuó estos estudios de manera sistemática fue Gregor Mendel y hoy es conocido como “padre de la Genética”.

La **Genética** es la ciencia que se encarga del estudio de los mecanismos de la herencia biológica y las leyes por las que estos se rigen.

1.1. GENÉTICA MENDELIANA

Gregor Johann Mendel nació en 1822 en Heinzendorf (Austria) e ingresó en la Orden de los Agustinos en 1843. Interesado en la Genética, estudió los resultados de los cruzamientos entre variedades de guisantes (*Pisum sativum*) en los jardines del convento de Brno (Chequia).

Mendel recogió una ingente cantidad de datos sobre las frecuencias con que se transmitía cada una de las características de la planta (estudió 7 distintas). A partir de esos datos postuló una serie de leyes sobre la herencia de los caracteres biológicos.

Mendel publicó sus descubrimientos en 1866 en una revista de poca difusión y en un momento en que el interés científico estaba muy polarizado hacia la controversia creada en torno a las teorías evolucionistas del francés Jean-Baptiste de Lamarck y del inglés Charles Darwin.

La constancia de los factores hereditarios de Mendel no parecía compatible con la evolución de las especies, y lo que en realidad constituía su explicación científica fue ignorado.

Pasados treinta y cuatro años, en una de las coincidencias más sorprendentes de la investigación científica, tres autores por separado, el holandés De Vries, el alemán Correns y el austriaco Tschennak, redescubrieron en el mismo año (1900) las **leyes de Mendel**.

a) Conceptos clave de genética mendeliana

Un **gen** es la unidad mínima de información genética. Contiene información para un **carácter** hereditario (cada una de las características físicas o fisiológicas de un individuo). Un ejemplo puede ser el *color del ojo*.

Los genes pueden presentar formas alternativas. Cada una de ellas se denomina **alelo** (ej: el color del ojo puede ser *azul, marrón, negro, etc*).

La mayoría de los organismos son diploides, es decir, poseen dos juegos de cromosomas (dos copias de cada cromosoma: 2 del par 1, 2 del par 2, etc) A los miembros de cada pareja se les llama cromosomas homólogos.

- Un individuo es **homocigoto** cuando posee dos alelos iguales para un carácter (1 en cada homólogo)
- Un individuo es **heterocigoto** cuando posee dos alelos diferentes para un carácter.

No todos los alelos son igualmente “fuertes”. En los heterocigotos, el alelo que se manifiesta se denomina **alelo dominante** (A) y el alelo que no se manifiesta se denomina **alelo recesivo** (a).

Esto hace que muchos alelos presentes en el individuo no lleguen a manifestarse nunca. El **genotipo** es el conjunto de alelos que posee un individuo, mientras que su **fenotipo** es el conjunto de caracteres que manifiesta ese individuo.

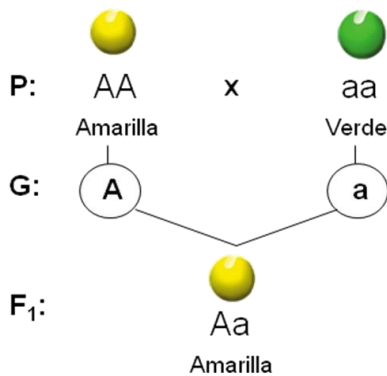
b) Las leyes de Mendel

Con los conocimientos de genética que se tienen en la actualidad, las experiencias de Mendel pueden ser resumidas en tres leyes.

▪ **Primera ley de Mendel: Ley de la uniformidad de los híbridos de la F₁.**

En su primer experimento Mendel cruzó dos individuos homocigotos (razas puras) para un solo carácter, el color de la semilla. A los individuos que cruzaba los llamó **generación parental (P)** y sus descendientes, **generación filial (F₁)**.

Al cruzar un individuo **homocigoto dominante (AA)** de semillas amarillas con otro **homocigoto recesivo (aa)** de semillas verdes, se origina una F₁ formada por individuos heterocigóticos (Aa) que tienen semillas de color amarillo. La planta AA produce gametos que llevan el alelo A. Los gametos de la planta aa llevan el alelo a. El cigoto resultante de la unión de ambos gametos dará lugar a un individuo heterocigoto (Aa) para ese carácter.

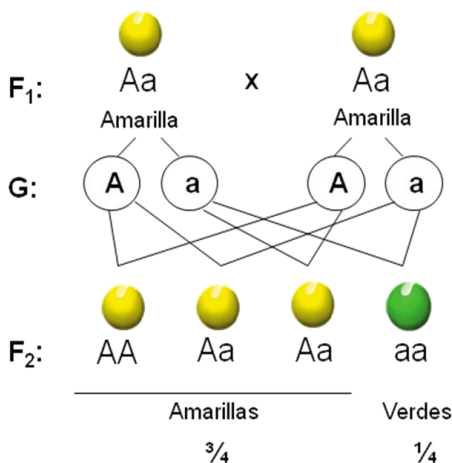


| | GENOTIPOS | FENOTIPOS |
|----------------|-----------|---------------|
| F ₁ | 100% Aa | 100% Amarilla |

Al cruzar **dos líneas puras** (homocigotos) que se diferencian en un carácter, todos los descendientes son **iguales entre sí** (heterocigotos) y tienen un fenotipo idéntico a uno de los progenitores.

▪ **Segunda ley de Mendel: Ley de la segregación de los caracteres en la F₂.**

En el segundo grupo de experimentos Mendel dejó que se autofecundaran individuos obtenidos en la F₁ todos ellos heterocigóticos (Aa) de fenotipo amarillo. Cada individuo da lugar a dos tipos de gametos, unos llevan el alelo A, y otros, el alelo a. Tras la fecundación se origina una F₂ con nuevas combinaciones de alelos que no aparecían en la F₁ en una proporción en la que aparece un alelo recesivo por cada tres dominantes (3:1).



| | GENOTIPOS | FENOTIPOS |
|----------------|----------------------------|-----------------------------|
| F ₂ | 1/4 AA 1/2 Aa 1/4 aa | 3/4 Amarillas 1/4 Verdes |

Al cruzar los **híbridos** (heterocigotos) de la F₁ entre sí, los alelos se reparten entre los gametos de forma **independiente**, reapareciendo ambos en la descendencia.

▪ **Tercera ley de Mendel: Ley de la independencia de los caracteres hereditarios.**

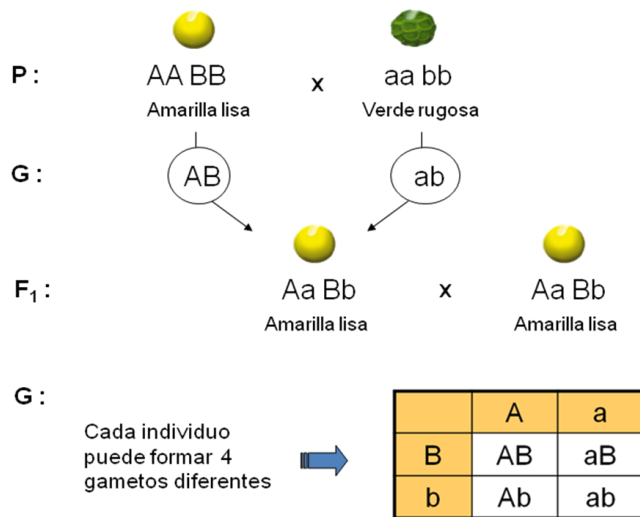
En el tercer grupo de experimentos, Mendel eligió progenitores homocigóticos que diferían en dos caracteres: color y aspecto de la semilla. La generación parental tenía los siguientes genotipos: AABB (amarillo liso) y aabb (verde rugoso).

Ambos progenitores producen un solo tipo de gametos que contienen un gen de cada par de alelos: AB y ab, respectivamente.

La unión de los gametos genera una F₁ uniforme, de individuos diheterocigotos de genotipo AaBb y fenotipo amarillo liso.

Los individuos de la F₁ originan cuatro tipos de gametos diferentes: AB, Ab, aB y ab.

Tras la autofecundación de los individuos de la F₁ debido a las diferentes combinaciones de alelos, se obtienen en la F₂, 16 combinaciones genotípicas posibles, y 4 fenotipos distintos, que están en la proporción 9:3:3:1.



F₂:

| | | Aa Bb Amarilla lisa | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------------------|-----------------------------|---------------------------|-------|-------|-------|--|-----------|-----------|-----------|---------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------------------------|-----------|-----------|------------------------|-----------|--------------------------|-----------|-----------|--|
| | | AB | Ab | aB | ab | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Aa Bb Amarilla lisa | AB | AA BB | AA Bb | Aa BB | Aa Bb | <table border="1"> <thead> <tr> <th>GENOTIPOS</th> <th>FENOTIPOS</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1/16 AABB</td> <td rowspan="3">9/16 Amarillo liso (A-B-)</td> </tr> <tr> <td>2/16 AABb</td> </tr> <tr> <td>1/16 AAbb</td> </tr> <tr> <td>2/16 AaBB</td> <td rowspan="2">3/16 Amarillo rugoso (A-bb)</td> </tr> <tr> <td>4/16 AaBb</td> </tr> <tr> <td>2/16 Aabb</td> <td rowspan="2">3/16 Verde liso (aaB-)</td> </tr> <tr> <td>1/16 aaBB</td> <td rowspan="2">1/16 Verde rugoso (aabb)</td> </tr> <tr> <td>2/16 aaBb</td> </tr> <tr> <td>1/16 aabb</td> <td></td> </tr> </tbody> </table> | GENOTIPOS | FENOTIPOS | 1/16 AABB | 9/16 Amarillo liso (A-B-) | 2/16 AABb | 1/16 AAbb | 2/16 AaBB | 3/16 Amarillo rugoso (A-bb) | 4/16 AaBb | 2/16 Aabb | 3/16 Verde liso (aaB-) | 1/16 aaBB | 1/16 Verde rugoso (aabb) | 2/16 aaBb | 1/16 aabb | |
| | GENOTIPOS | FENOTIPOS | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | 1/16 AABB | 9/16 Amarillo liso (A-B-) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | 2/16 AABb | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 1/16 AAbb | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2/16 AaBB | 3/16 Amarillo rugoso (A-bb) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 4/16 AaBb | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2/16 Aabb | 3/16 Verde liso (aaB-) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 1/16 aaBB | | 1/16 Verde rugoso (aabb) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2/16 aaBb | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 1/16 aabb | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ab | AA Bb | AA bb | Aa Bb | Aa bb | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| aB | Aa BB | Aa Bb | aa BB | aa Bb | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| ab | Aa Bb | Aa bb | aa Bb | aa bb | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

En la transmisión de dos o más caracteres, cada uno se transmite de manera independiente y se combinan al azar en la descendencia.

1.2. LA TEORÍA CROMOSÓMICA DE LA HERENCIA

En 1902, dos investigadores por separado, W.S. Sutton en Estados Unidos y T Boveri en Alemania, tras observar el paralelismo existente entre la herencia de los factores hereditarios de Mendel y el comportamiento de los cromosomas durante la formación de los gametos y la fecundación, propusieron que estos factores se encontraban en los cromosomas. Esta es la base de la **Teoría cromosómica de la herencia**.

En los años 20 del siglo XX, Thomas H Morgan gracias a sus trabajos con la mosca del vinagre (*Drosophila melanogaster*) corroboró dicha teoría que fue completada por otros investigadores en años sucesivos.

Puede resumirse en los siguientes postulados:

- Los factores hereditarios (genes) se encuentran **en los cromosomas**
- Cada gen ocupa una **posición fija** (*locus*) en un cromosoma concreto.
- Estos genes se disponen de **manera lineal** en el cromosoma
- Existen dos tipos de cromosomas:
 - **Heterocromosomas** o cromosomas sexuales
 - Iguales en las hembras (XX)
 - Diferentes en los machos (XY)
 - **Autosomas**: son el resto de los cromosomas y que son iguales dos a dos.
- Dos genes se heredan:
 - juntos cuando se encuentran en el mismo cromosoma (**genes ligados**)
 - por separado cuando están en cromosomas diferentes (**genes independientes**)

2. CONCEPTOS BÁSICOS DE GENÉTICA MOLECULAR

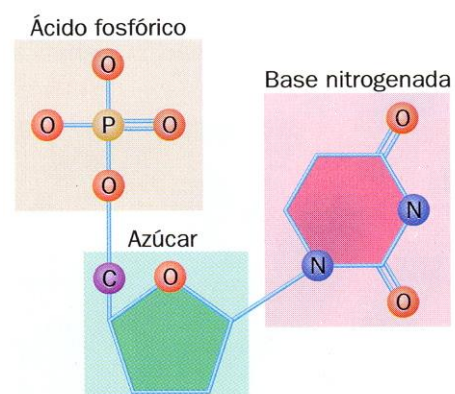
2.1. LOS ÁCIDOS NUCLEICOS

a) Los nucleótidos

Los ácidos nucleicos son macromoléculas formadas por átomos de carbono (C), hidrógeno (H), oxígeno (O), nitrógeno (N) y fósforo (P). Estos átomos se combinan para formar pequeñas moléculas llamadas *nucleótidos*. Los ácidos nucleicos, ADN y ARN, son largas cadenas formadas por la unión de *nucleótidos*.

Un nucleótido es un compuesto formado por:

- Un azúcar
 - Ribosa (ARN)
 - Desoxirribosa (ADN)
- Un ácido fosfórico
- Una base nitrogenada
 - Adenina (A)
 - Timina (T) (Exclusiva del ADN)
 - Citosina (C)
 - Guanina (G)
 - Uracilo (U) (Exclusiva del ARN)

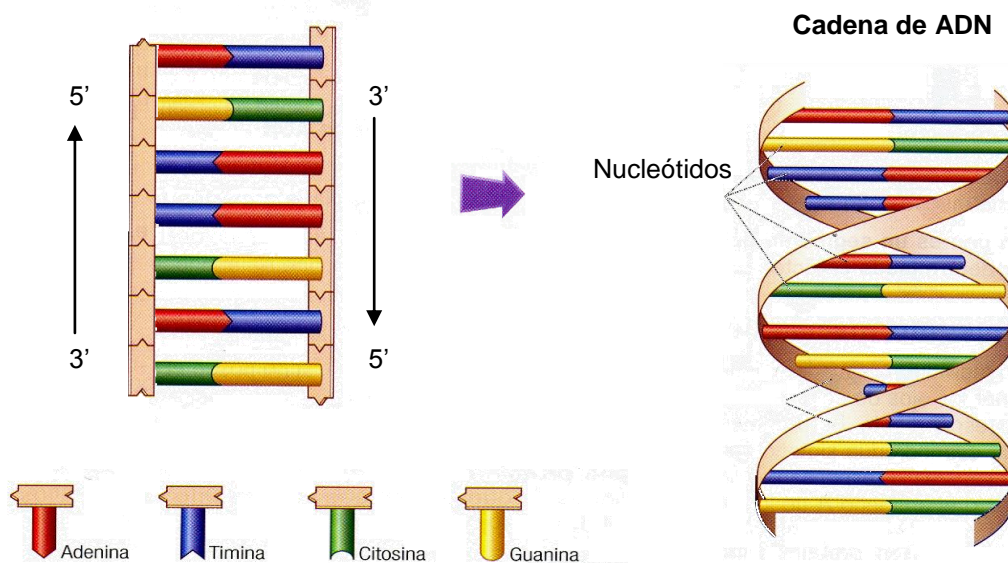


b) El ADN (ácido desoxirribonucleico)

La molécula de ADN está formada por una doble cadena de nucleótidos con estructura de doble hélice. Estas cadenas son:

- *Dextrógiras*. Las dos cadenas están enrolladas una alrededor de la otra formando una doble hélice que gira a la derecha.
- *Antiparalelas*. Una de las cadenas va en un sentido y la cadena complementaria en sentido opuesto.
- *Complementarias*. Las dos cadenas de nucleótidos están conectadas porque las bases nitrogenadas establecen enlaces de hidrógeno entre ellas. Las bases de cada cadena se unen según este patrón: adenina con timina y guanina con citosina.

El ADN se encuentra en el núcleo de la célula eucariota y en el citoplasma en las procariontes y su función es portar la información genética.

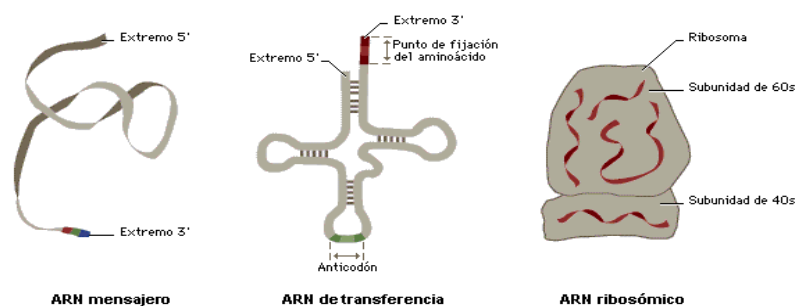


c) ARN (Ácido ribonucleico)

El ARN está formado por una sola cadena de nucleótidos y es mucho más corto que el ADN. Sus nucleótidos tienen composición química parecida, pero contiene *ribosa* en vez de *desoxirribosa* y *uracilo* en vez de *timina*.

Se encuentra tanto en el citoplasma como en el núcleo de la célula, dependiendo del tipo. Cada tipo cumple una función determinada en la transformación de la información almacenada en el ADN en proteínas.

- **ARN mensajero (ARNm)**. Es una copia de un fragmento de ADN (un gen) que se forma en el núcleo y va a los ribosomas para ser transformado en proteína.
- **ARN transferente (ARNt)**. Transporta los aminoácidos desde el citoplasma hasta los ribosomas.
- **ARN ribosómico (ARNr)**. Forma parte de los ribosomas. Estos orgánulos traducen el ARNm a proteínas



2.2. CROMOSOMAS Y GENES

El ADN no se encuentra aislado en las células, sino unido a proteínas que cumplen una función estructural y estabilizadora. El conjunto del ADN y las proteínas estructurales recibe el nombre de **cromatina**. En las células eucariotas, como las humanas, esta cromatina se encuentra en el interior del núcleo de la célula.

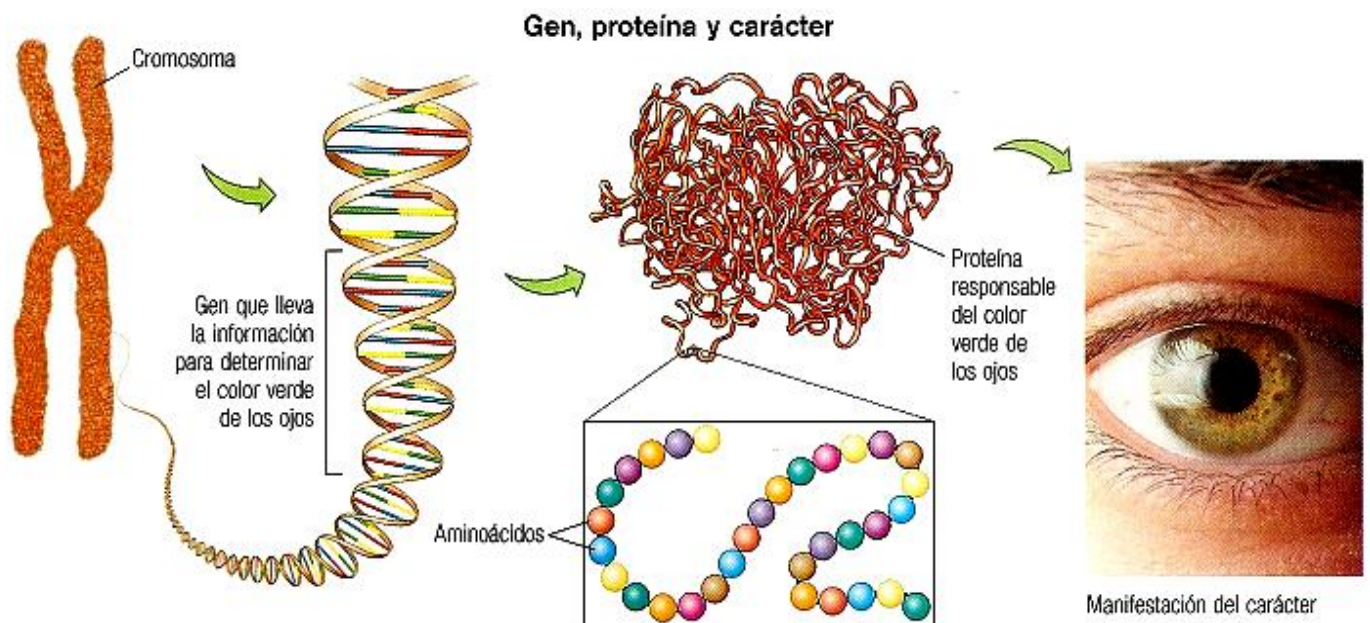
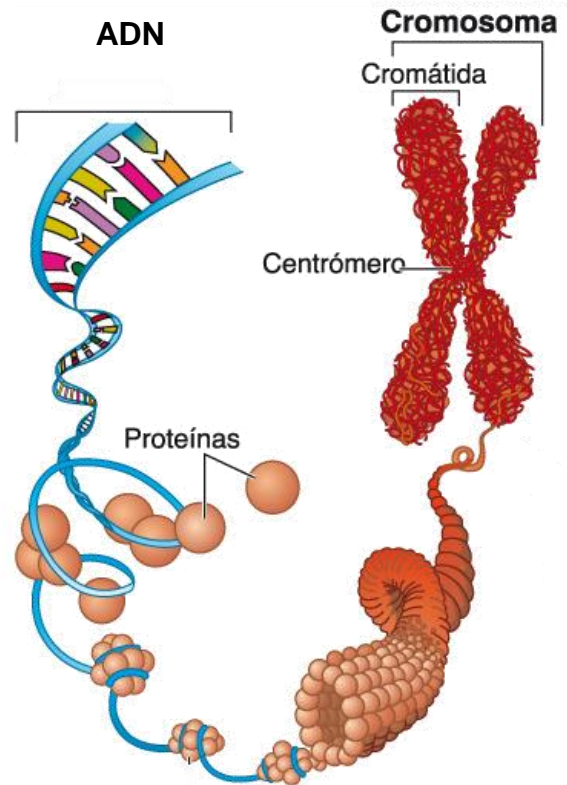
Durante la vida vegetativa de la célula, la cromatina se encuentra desempaquetada. La célula recurre continuamente a ella para poder realizar su actividad vital. Sin embargo durante la división celular la cromatina se empaqueta para formar los **cromosomas**.

La especie humana es **diploide**. Esto quiere decir que las células contienen dos juegos de cromosomas. En total, cada célula tiene **23 parejas de cromosomas** (46 en total). Los miembros de cada pareja se denominan **cromosomas homólogos**.

Cada cromosoma está formado por dos **cromátidas** (dos copias idénticas) unidas por un punto llamado **centrómero**.

El conjunto de cromosomas que posee un individuo es su **cariotipo**. La representación gráfica del cariotipo, con los cromosomas ordenados por parejas es su **cariograma**.

Cada cromosoma está dividido en segmentos denominados **genes**. Un gen es un fragmento de ADN que contiene la información necesaria para fabricar una proteína. Esta proteína determinará la presencia de un determinado carácter en el organismo.

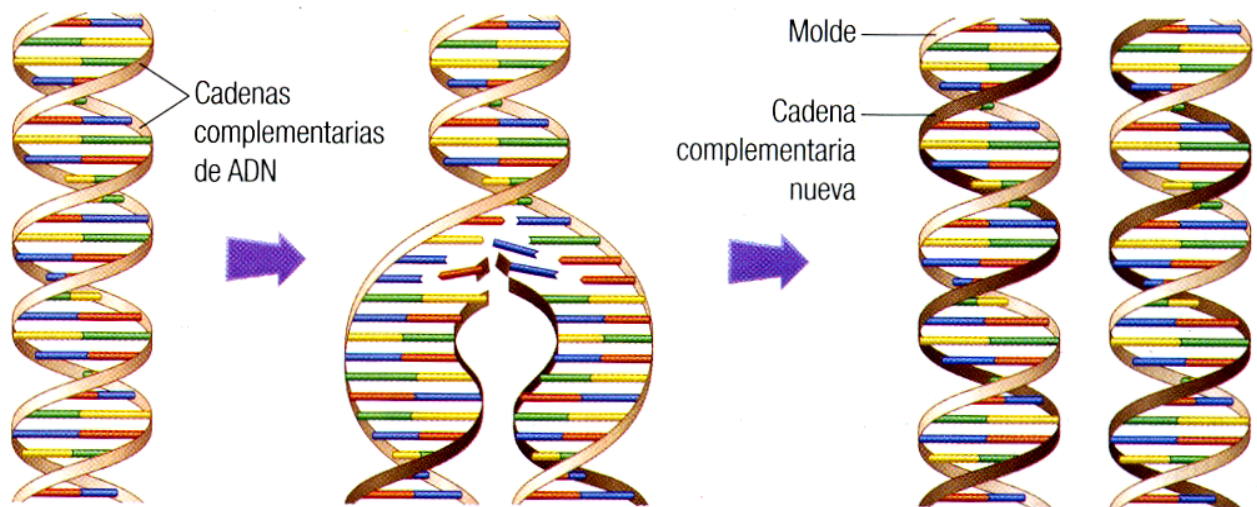


2.3. LA TRANSMISIÓN DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

Cuando una célula se va a dividir es necesario hacer una copia de su ADN. Este proceso se denomina **duplicación** o **replicación**. De esta forma se asegura que ambas células hijas reciben la misma información genética que tenía la célula madre. El procedimiento es el siguiente:

- 1º) Se abre la doble cadena de ADN (como si fuera una cremallera)
- 2º) Nucleótidos de ADN libres y complementarios se van uniendo de forma secuencial a cada una de las cadenas viejas. Se forman así dos cadenas nuevas.

Cada una de las cadenas así obtenidas posee una cadena vieja y una nueva, por eso se dice que la replicación del ADN es semiconservativa.



2.4. LA EXPRESIÓN DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

2.4.1. EL CÓDIGO GENÉTICO

Las instrucciones contenidas en el ADN están codificadas en la secuencia de *nucleótidos*. Sin embargo, la célula necesita transformar esta información en *proteínas* para poder realizar sus funciones vitales.

Las proteínas son moléculas compuestas por unidades menores, denominadas *aminoácidos*. Sólo existen 20 aminoácidos diferentes, pero se combinan formando largas cadenas que dan lugar a miles de proteínas distintas.

La célula utiliza el *código genético* para traducir el lenguaje del ADN al de las proteínas. Este código es la relación de correspondencia que existe entre nucleótidos de ARNm, y por tanto del ADN, y los aminoácidos.

| | | Segunda Letra | | | | |
|---------------|---|--|-----------------------------------|---|--|------------------|
| | | U | C | A | G | |
| Primera letra | U | UUU Fenilalanina UUC UUA Leucina UUG | UCU Serina UCC UCA UCG | UAU Tirosina UAC UAA Código de parada UAG (stop codon) | UGU Cisteína UGC UGA Código de parada (**) UGG Triptófano | U C A G |
| | C | CUU Leucina CUC CUA CUG | CCU Prolina CCC CCA CCG | CAU Histidina CAC CAA Glutamina CAG | CGU Arginina CGC CGA CGG | U C A G |
| | A | AUU Isoleucina AUC AUA AUG Metionina (Iniciación) | ACU Treonina ACC ACA ACG | AAU Asparagina AAC AAA Lisina AAG | AGU Serina AGC AGA Arginina AGG | U C A G |
| | G | GUU Valina GUC GUA GUG | GCU Alanina GCC GCA GCG | GAU Acido Aspartico GAC GAA Acido Glutámico GAG | GGU Glicina GGC GGA GGG | U C A G |

El código genético posee las siguientes características:

- **Está organizado en tripletes o codones:** cada trío de nucleótidos (triplete) determina un aminoácido. También existen codones “sin sentido” (no codifican ningún aa) que se usan como señales de inicio y terminación del gen.
- **Es degenerado:** existen más codones que aa, de forma que un determinado aa puede estar codificado por más de un triplete. En cada codón los dos primeros nucleótidos suelen ser fijos y el tercero variable.
- **Es “no solapado”:** un nucleótido solamente pertenece a un único triplete.
- **La lectura es “sin pausas”:** La secuencia es una línea continua sin espacios entre codones.
- **Es universal:** el mismo triplete en diferentes especies codifica para el mismo aminoácido.

2.4.2. LA SÍNTESIS DE PROTEÍNAS

La transformación de un gen (secuencia de nucleótidos de ADN) en una proteína (secuencia de aminoácidos) no es un proceso directo. Es posible distinguir varias fases en él. El conjunto de esas fases se conoce como **dogma central de la biología molecular**.



Las instrucciones genéticas para construir proteínas están contenidas en el núcleo de la célula; sin embargo, los ribosomas encargados de fabricarlas están en el citoplasma. Así que es preciso trasladar la información del núcleo al citoplasma, donde será traducida en una proteína. Este proceso se realiza en dos etapas:

a) Transcripción

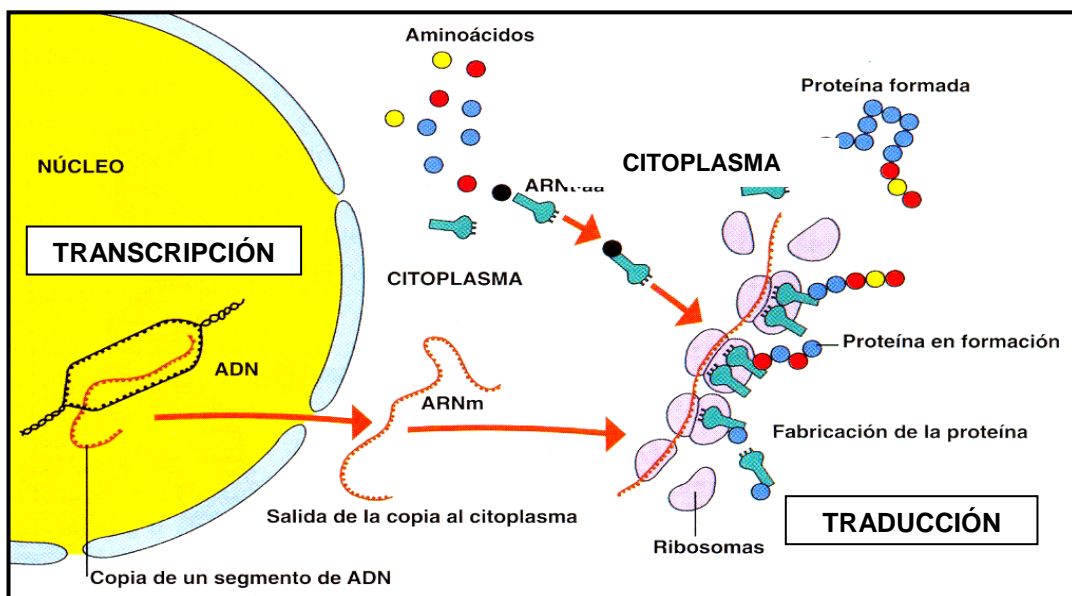
Es el proceso de copia del ADN en forma de ARN mensajero. Se lleva a cabo en el núcleo.

- 1º) La doble hélice del ADN se abre en el lugar ocupado por el gen que se va a traducir.
- 2º) Dentro del hueco se van colocando secuencialmente nucleótidos de ARN complementarios de los nucleótidos de la cadena del ADN que se va a transcribir. Solo una de las hebras de ADN se transcribe (hebra molde).
- 3º) Una vez finalizada la copia se libera el ARNm y la doble hélice de ADN se une de nuevo.

b) Traducción

Es el proceso por el que el ARN mensajero se transforma en proteína. Se lleva a cabo en el citoplasma.

- 1º) El ARNm traslada la información del núcleo al citoplasma.
- 2º) Los ribosomas "leen" las instrucciones contenidas en la secuencia de bases del ARNm y las "traducen", colocando cada aminoácido en el lugar correspondiente del mensaje, según el código genético.
- 3º) Los aminoácidos son transportados por el ARN transferente (ARNt). Cada uno de los 20 aminoácidos es transportado por un ARNt específico. Esto es posible porque las moléculas de ARNt contienen un triplete complementario de uno de los *codones* presentes en el ARNm. Este triplete se denomina *anticodón*.



3. LA BIOTECNOLOGÍA

Desde hace miles de años, la humanidad ha domesticado animales, ha mejorado cultivos y ha utilizado microorganismos para obtener productos útiles, como pan, vino, queso y yogur. La biotecnología no es nueva, si bien hasta la época moderna ha sido utilizada de forma empírica y sin conocimientos científicos.

La **biotecnología** moderna implica la manipulación deliberada de material genético (ADN) de los organismos vivos con una finalidad práctica.

El progreso de la biotecnología moderna se basa en:

- el conocimiento de los mecanismos que regulan la expresión de la información contenida en los genes.
- el desarrollo de herramientas y técnicas que permiten la manipulación de esta información.

Las técnicas más importantes son:

- La **ingeniería genética**, que permite aislar, secuenciar y transferir genes entre organismos.
- La **clonación celular**, que permiten la reparación de tejidos y órganos dañados o defectuosos.
- El **cultivo de células y tejidos**, que permiten hacer crecer *in vitro* células, órganos y embriones.

En los próximos años, la **biotecnología** producirá una amplia gama de productos, cuyas aplicaciones prácticas se centrarán en la salud humana, la agricultura, la ganadería, la industria y el medio ambiente.

3.1. INGENIERÍA GENÉTICA

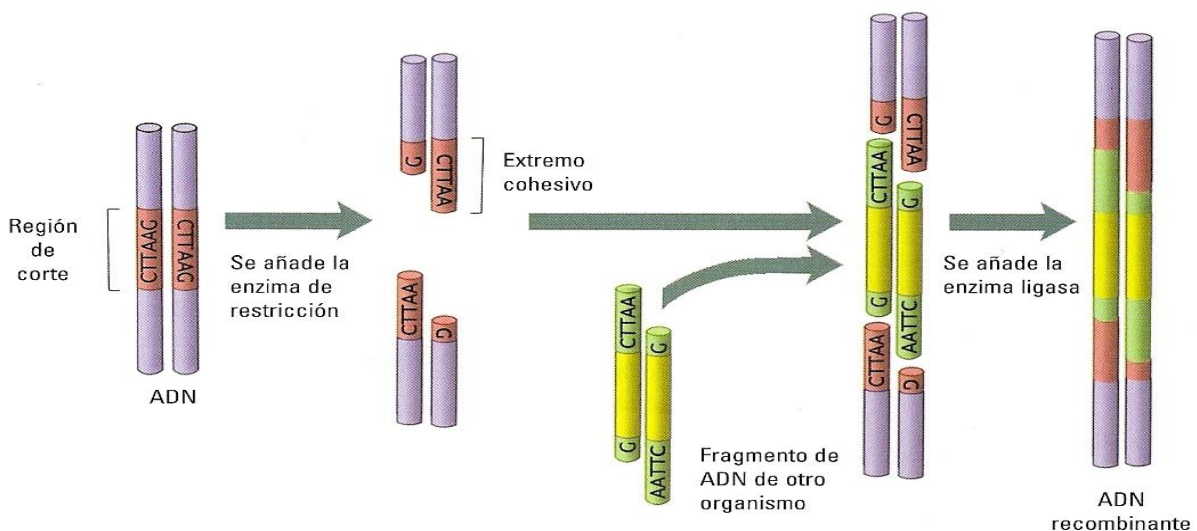
La **ingeniería genética** o **tecnología del ADN recombinante** comprende una serie de técnicas que permiten:

- **Manipular** el ADN (cortar, pegar, reproducir y secuenciar fragmentos del ADN de un organismo).
- **Insertar** un fragmento de ADN de interés, que proviene de un organismo donante en otra molécula de ADN receptor. Como resultado se obtiene una molécula híbrida llamada **ADN recombinante**.

3.1.1. LAS HERRAMIENTAS DE LA INGENIERÍA GENÉTICA

En las células vivas, el ADN es cortado y vuelto a unir una y otra vez por **enzimas específicas**:

- Las **enzimas de restricción** que cortan el ADN. Reconocen específicamente una determinada secuencia de nucleótidos. Al cortar el ADN, generan extremos cohesivos.
- Las **ADN ligasas** que unen los distintos fragmentos de ADN pegando sus extremos cohesivos



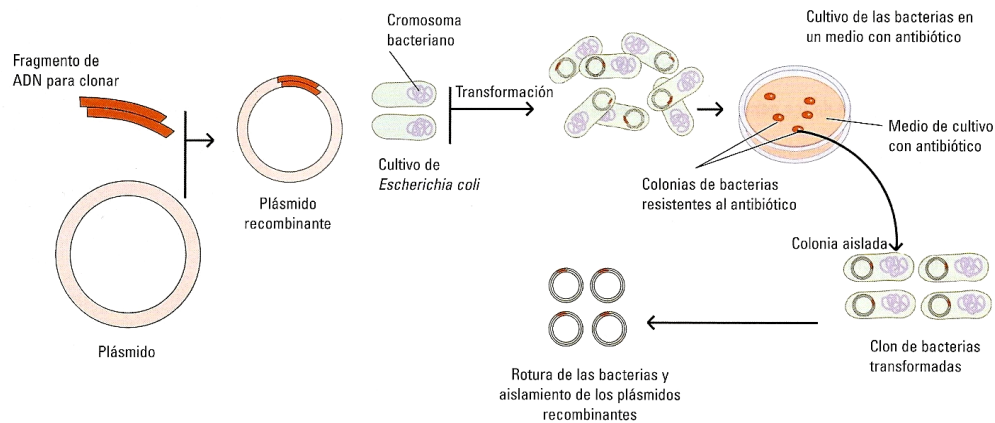
Además es necesario un vehículo que transporte este ADN recombinante al interior del organismo receptor. Este transportador se denomina **vector de transferencia** y puede ser un **plásmido** (pequeño fragmento de ADN extracromosómico circular presente en algunas bacterias) o un **virus**.

3.1.2. TÉCNICAS DE INGENIERÍA GENÉTICA

a) Clonación del ADN

La **clonación** de un fragmento de **ADN** consiste en la obtención de millones de copias idénticas del mismo. El **método** de clonación es el siguiente:

1. El plásmido y el ADN que se quiere clonar se cortan con la misma enzima de restricción. Después se unen para obtener **plásmidos recombinantes** que se incuban con un cultivo de bacterias (normalmente *Escherichia coli*), en las condiciones adecuadas para que cada una de ellas incorpore solamente un plásmido recombinante. Este proceso se denomina **transformación**.
2. Los plásmidos llevan un **gen** que les confiere **resistencia a un antibiótico**. Así, las bacterias transformadas pueden ser **seleccionadas** colocándolas en placas de cultivo en un medio que contiene el antibiótico. Únicamente las bacterias que llevan el plásmido recombinante serán resistentes y capaces de sobrevivir y formar colonias en las placas. Las demás, que no portan el plásmido recombinante, mueren.
3. Cada colonia de bacterias transformada se aísla y se mantiene en condiciones de crecimiento. A medida que las bacterias se **duplican**, también se duplica el número de **plásmidos** recombinantes y los fragmentos de ADN que llevan insertados.



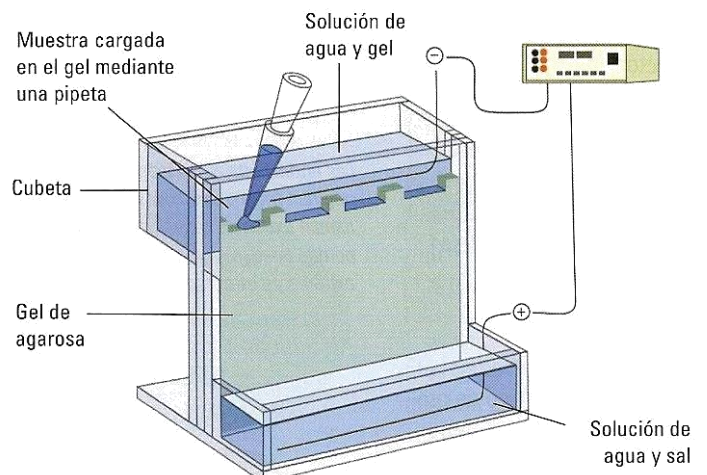
b) Análisis de fragmentos de ADN

Una vez que las enzimas de restricción han cortado una molécula de ADN, el resultado es un grupo de fragmentos de ADN de distinto tamaño. Estos fragmentos se pueden separar y analizar mediante diferentes técnicas. La **electroforesis en gel de agarosa** es la más efectiva.

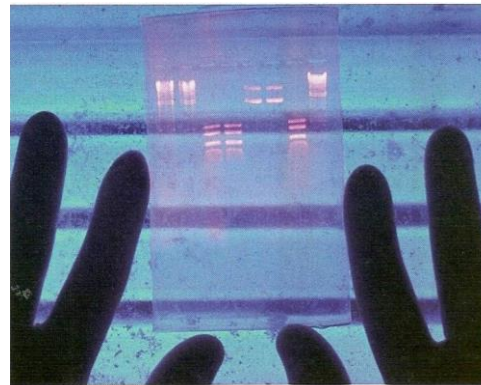
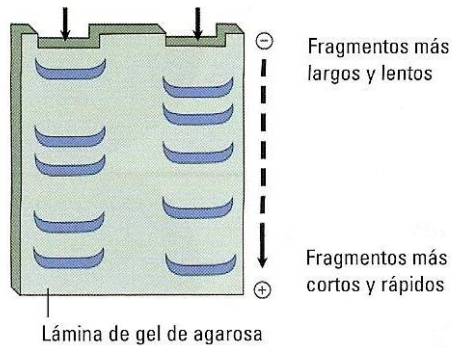
Esta técnica separa los fragmentos de ADN en función de su **tamaño** y su **carga eléctrica**. El soporte que se utiliza para que el ADN se pueda mover es la agarosa, un polisacárido que después de disolverse en agua hirviendo se transforma en gel a medida que se enfría.

El procedimiento para realizar una electroforesis en gel de agarosa es el siguiente:

- Se prepara una lámina delgada de agarosa en un molde que posee en uno de sus extremos una hilera de pequeños huecos denominados pocillos para muestra.
- A continuación, la lámina se introduce en una cubeta de electroforesis que contiene una solución de agua y sales y que posee electrodos adheridos a cada extremo.
- En cada pocillo del gel se coloca una muestra diferente.
- Como el ADN está cargado negativamente, cuando se aplica la corriente eléctrica los fragmentos de ADN avanzan a través del gel hacia el electrodo positivo que está situado en el otro extremo.



La agarosa actúa como un tamiz, de forma que, los fragmentos más pequeños cruzan el gel más deprisa y fácilmente que los grandes. Así, los fragmentos de ADN se separan de acuerdo con su longitud y en orden de tamaño decreciente. Cada banda corresponde a todos los fragmentos de longitud similar.



Esta técnica permite obtener el patrón de bandas característico y exclusivo del ADN de cualquier organismo, al que se denomina **huella génica** o **perfil genético**. La huella génica constituye la "huella digital" del ADN y hace posible averiguar la identidad de un individuo comparándola con la de otras muestras.

Su uso principal se da en medicina forense para determinar la identidad de criminales o cadáveres, o para determinar la paternidad o relación de parentesco entre individuos., etc.

c) Hibridación mediante sondas de ADN: búsqueda específica de un gen

La hibridación del ADN es el proceso natural y espontáneo, en el que dos hebras de ADN de cadena sencilla, con una secuencia de bases complementaria, se unen para originar una molécula de ADN de cadena doble correctamente apareada.

Esta propiedad puede usarse en el laboratorio para detectar la presencia de un determinado fragmento o gen en una muestra.

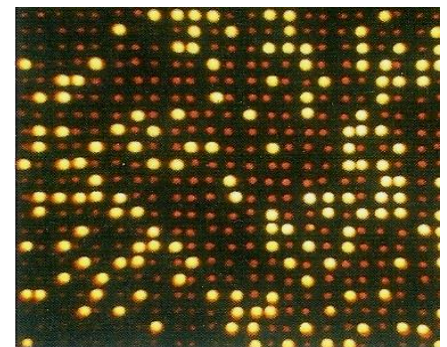
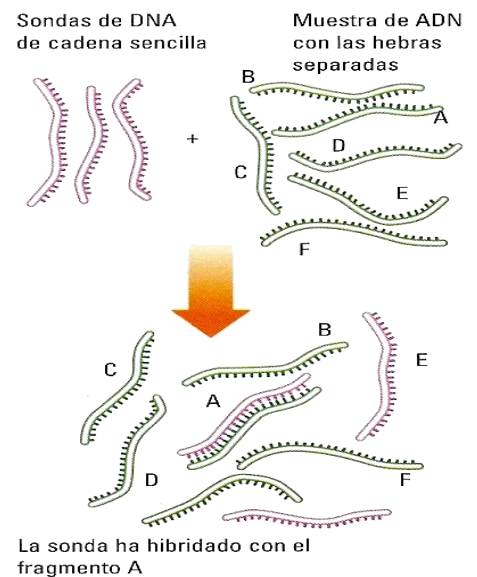
Una **sonda de ADN** es un fragmento artificial de ADN de cadena sencilla marcada con radiactividad o fluorescencia y cuya secuencia de nucleótidos es complementaria a la secuencia del gen que se desea detectar. Mediante rayos X puede detectarse la sonda que ha hibridado.

Cuando se quieren analizar simultáneamente miles de genes se utilizan los **biochips** o chips de ADN.

Un biochip es una lámina de vidrio dividida en miles de celdillas microscópicas. En cada celdilla se fija una pequeña cantidad de fragmentos de ADN de cadena simple que actúa como sonda para un gen determinado. Como se conoce la situación exacta de cada sonda en el biochip, cualquier fragmento de ADN que hibride con una de ellas podrá ser identificado como un gen concreto simplemente localizando la posición de la sonda a la que se encuentra unido en el biochip.

La tecnología del biochip se usa en:

- Detectar mutaciones en genes causantes de enfermedades (ej: hemofilia, la fibrosis quística, etc)
- Controlar la expresión de los genes en células cancerosas.
- Diagnosticar enfermedades infecciosas (identificando al patógeno)
- Personalizar el tratamiento con medicamentos (para evitar las reacciones adversas)

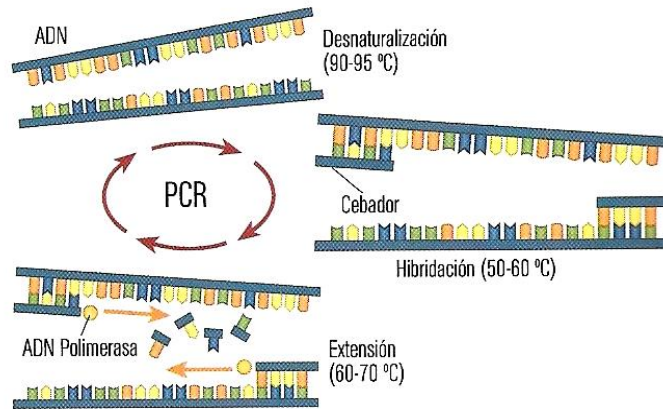


Biochip ampliado. Cada punto fluorescente representa una celdilla donde se ha producido hibridación.

d) Amplificación del ADN: reacción en cadena de la polimerasa

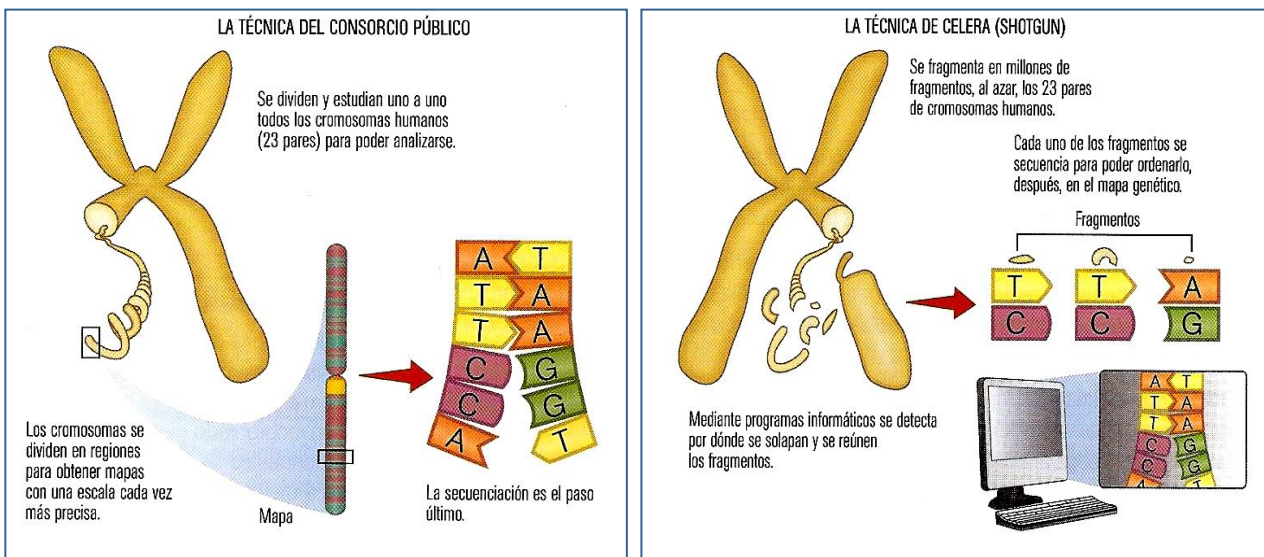
La **PCR (reacción en cadena de la polimerasa)** es una reacción en cadena que origina millones de copias de un segmento de ADN mediante la repetición de múltiples ciclos de replicación del ADN *in vitro*.

La PCR es una **herramienta** utilizada rutinariamente para amplificar segmentos de ADN a partir de una extensa diversidad de fuentes, por ejemplo, ADN a partir de pequeñas cantidades de tejidos, sangre o semen conseguidos en la escena de un crimen, ADN de microorganismos patógenos para su identificación, etc



e) Secuenciación del ADN

La determinación de la **secuencia de nucleótidos** de un fragmento de ADN es parte esencial de la ingeniería genética. Los primeros métodos utilizados para secuenciar ADN eran complicados y lentos de realizar. Actualmente, se han desarrollado **técnicas automatizadas e informatizadas** que permiten una secuenciación sencilla y rápida



Así, se ha conseguido conocer la secuencia de miles de genes y los genomas completos de numerosos organismos, desde los procariontes hasta el ser humano.

3.1.3. APLICACIONES PRÁCTICAS DE LA INGENIERÍA GENÉTICA

a) Organismos genéticamente modificados (OGM)

Los **organismos genéticamente modificados (OGM) o transgénicos** son los organismos (bacterias, hongos, animales y plantas) que contienen un gen procedente de otro organismo o **transgén**. Cuando el transgén se expresa, elabora la misma proteína en el organismo transgénico que la que elabora en el organismo del que procede.

La utilización de «organismos de diseño» patentados, tanto procariotas como eucariotas, cada vez es más frecuente y con ello se persigue la producción de proteínas útiles o la obtención de variedades de plantas y animales con alguna nueva característica de interés para las personas.

1. Microorganismos genéticamente modificados

▪ Mejora del medio ambiente

○ **Biorremediación:**

Es el uso de microorganismos transgénicos para eliminar la contaminación ambiental. Se emplean bacterias para:

- Eliminación de las **mareas negras** mediante la utilización de bacterias capaces de digerir los hidrocarburos del petróleo transformándolos en sustancias menos o nada contaminantes.
- Eliminación de **metales pesados** del suelo.
- Biodegradación de **plásticos**.

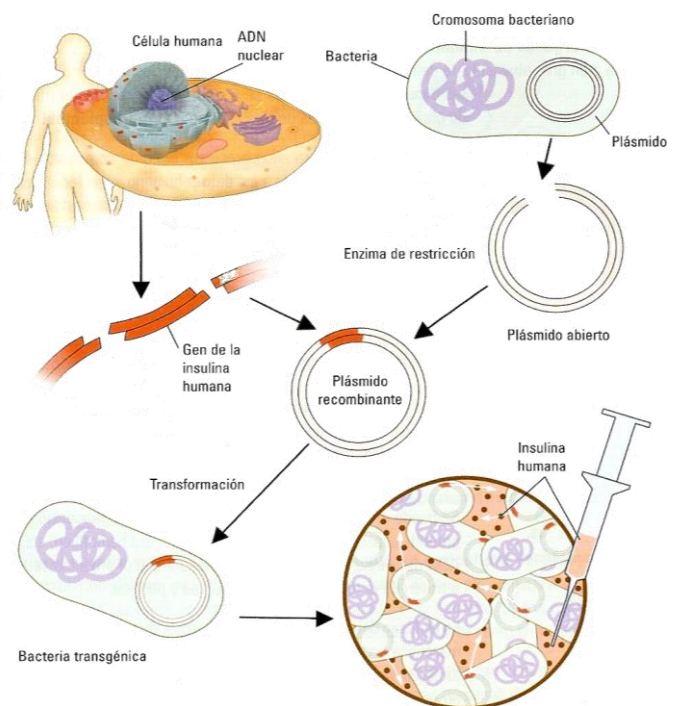
○ **Producción de biocombustibles**

Es posible usar diversos microorganismos, como las levaduras, para producir **biodiesel** y **bioalcohol**, fuentes de energía que contaminan menos que los combustibles fósiles.

▪ Fabricación de productos industriales, farmacéuticos y médicos

Los microorganismos genéticamente modificados también se utilizan como pequeñas «factorías vivientes» programadas para fabricar productos útiles que los microorganismos no producen de manera natural.

- Las **enzimas** son proteínas que catalizan diversas reacciones bioquímicas, entre otras la degradación de sustancias. Por ejemplo, el detergente en polvo contiene enzimas producidas por bacterias y hongos genéticamente modificados que disuelven las manchas de nuestra ropa.
- Los **antibióticos** son sustancias naturalmente producidas por algunos hongos que se usan para matar o inhibir el crecimiento de las bacterias. Hoy, muchos antibióticos, como la tetraciclina y la penicilina, son producidos por bacterias y hongos genéticamente modificados.
- Algunas **proteínas humanas** utilizadas en medicina, como:
 - Hormonas (insulina y hormona del crecimiento)
 - Factor de la coagulación sanguínea (antihemofílico)
 - Anticuerpos (anticuerpos monoclonales)
 - Interferón (antiviral)



2. Animales transgénicos

Los animales transgénicos llevan en sus células algún gen procedente de otro organismo. El transgén, que ha sido obtenido mediante la tecnología del ADN recombinante, se inserta en el ADN de animal hospedador mediante diferentes mecanismos, por ejemplo, por microinyección en un óvulo fecundado.

Las aplicaciones de los animales transgénicos son variadas:

- **Aumentar la resistencia a enfermedades y mejorar la producción animal.** Por ejemplo, creando vacas que se desarrollan en menos tiempo, ovejas con mejor calidad de lana, cerdos con carne más magra o salmones que pueden crecer dos veces más rápido de lo normal.
- **Diseñar animales *knockout*,** en los que se sustituye un gen funcional por otro mutante no funcional con el fin de examinar los efectos que este tipo de experimento tiene sobre el animal y poder conocer la función que desempeña el gen. Los ratones son los organismos más utilizados porque la mayoría de sus genes actúan de una forma muy parecida a la de los genes humanos. Su manipulación puede ayudar a conocer, por ejemplo, el funcionamiento de los genes que provocan el cáncer y así comprender la evolución de esta enfermedad.
- **Fabricar órganos de animales para trasplantes.** El problema de la falta de órganos para trasplantes se podría resolver realizando trasplantes de órganos procedentes de otra especie o **xenotrasplantes**. La especie idónea para ello parece ser el cerdo porque sus órganos tienen un tamaño parecido a los del ser humano y son fáciles de criar. Sin embargo, no se puede trasplantar sin más el órgano de un cerdo a una persona ya que su organismo lo reconocería como extraño y lo rechazaría. Los ingenieros genéticos trabajan en un programa para obtener cerdos transgénicos en los que se modifica el sistema inmunológico para que el sistema inmunológico humano lo reconozca como propio. De esta manera se evitaría el rechazo del órgano en caso de trasplante.
- **Crear granjas farmacéuticas.** Los animales transgénicos han sido también diseñados para producir una gran cantidad de fármacos o moléculas biológicas que se emplean en medicina y que por otros medios serían mucho más difíciles de obtener. Se puede insertar un transgén que codifica para la fabricación de una proteína específica humana (insulina, factor antihemofílico, etc.) en el ADN de ovejas, vacas o cabras de manera que el producto se secreta a través de la leche, de donde se extrae.

3. Plantas transgénicas

Las características de las plantas transgénicas son muy diversos:

- **Resistencia contra herbicidas y plagas.**
Hay plantas con genes bacterianos que les confieren resistencia a los herbicidas (ej: soja, maíz o algodón) que les permiten crecer mientras las malas hierbas son eliminadas por fumigación. Otras poseen genes bacterianos que sintetizan sustancias tóxicas para los insectos que las parasitan de forma natural. Esto ha hecho posible reducir el uso de los productos fitosanitarios (contaminantes y perjudiciales para la salud) y reducir costes de producción
- **Resistencia a heladas, sequía, acidez o salinidad del suelo**
Se consigue así evitar las pérdidas por causas climáticas y se posibilita la explotación agrícola de terrenos poco aptos para ello.
- **Retraso de la maduración**
Las frutas y hortalizas pueden recogerse, transportarse y almacenarse con garantías de que llegarán frescas al consumidor.
- **Mejora del valor nutritivo de las plantas empleadas en la agricultura**
Se han diseñado plantas que producen algunas vitaminas, lo cual permite asegurar el suministro de dicha vitamina a toda la población.
- **Producción de sustancias de interés farmacológico.**
Las plantas “farmacéuticas” producen proteínas humanas y vacunas.

b) Diagnóstico y prevención de enfermedades genéticas

Los trastornos genéticos se producen cuando el material genético está alterado (**mutación**) y no tiene un correcto funcionamiento. Estas alteraciones pueden transmitirse a la descendencia cuando se presentan en las células productoras de gametos.

Las enfermedades genéticas hereditarias pueden ser:

- **Cromosómicas**, que afectan al número o estructura de los cromosomas.
Por ejemplo, el síndrome de Down es la alteración del número de cromosomas del par 21. Aparecen 3 cromosomas en vez de dos en dicho par.
- **Génicas**, cuando afectan sólo a un gen.
Por ejemplo, la fibrosis quística se debe a una mutación de un gen del cromosoma 7.

En la prevención de dichas enfermedades se puede distinguir entre:

▪ Prevención primaria

Se realiza antes de la concepción.

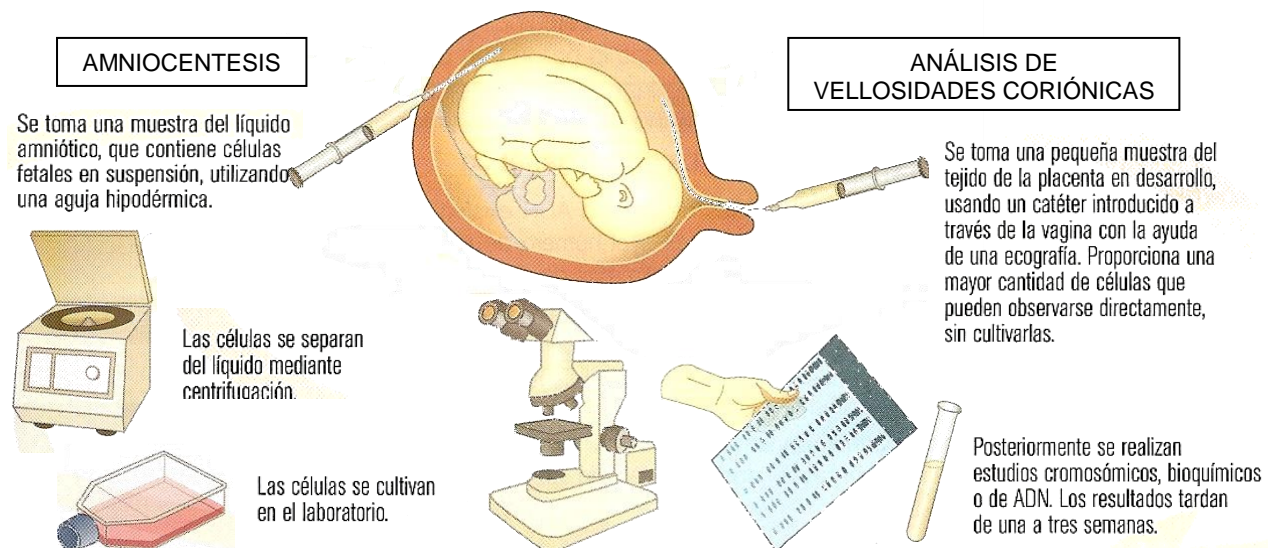
Se lleva a cabo mediante el **consejo genético**. El individuo o la pareja que desea tener descendencia y tiene cierto riesgo de transmitir enfermedades a la misma, recibe información sobre las probabilidades de que esto ocurra y sobre las opciones de cara a minimizar o eliminar los riesgos.

▪ Prevención secundaria

Se realiza después de la fecundación.

Se lleva a cabo mediante el **diagnóstico precoz** de enfermedades genéticas, que puede ser:

- El **diagnóstico preimplantacional**. En este caso, se analizan el material genético de los embriones obtenidos por fecundación *in vitro* antes de ser transferidos al útero. De esta forma se puede seleccionar a los embriones sanos.
- El **diagnóstico prenatal**. Presenta el inconveniente de aumentar ligeramente (1%) la tasa de abortos espontáneos. Puede realizarse mediante dos técnicas distintas:
 - La **amniocentesis** → se extraen células de la cavidad amniótica (que poseen la misma dotación genética que el embrión) que después se cultivan en el laboratorio. Posteriormente, se analiza su material genético en busca de posibles alteraciones.
 - El **análisis de las vellosidades coriónicas** → se extraen células de la placenta (también poseen la misma dotación cromosómica que el embrión), para su posterior análisis.



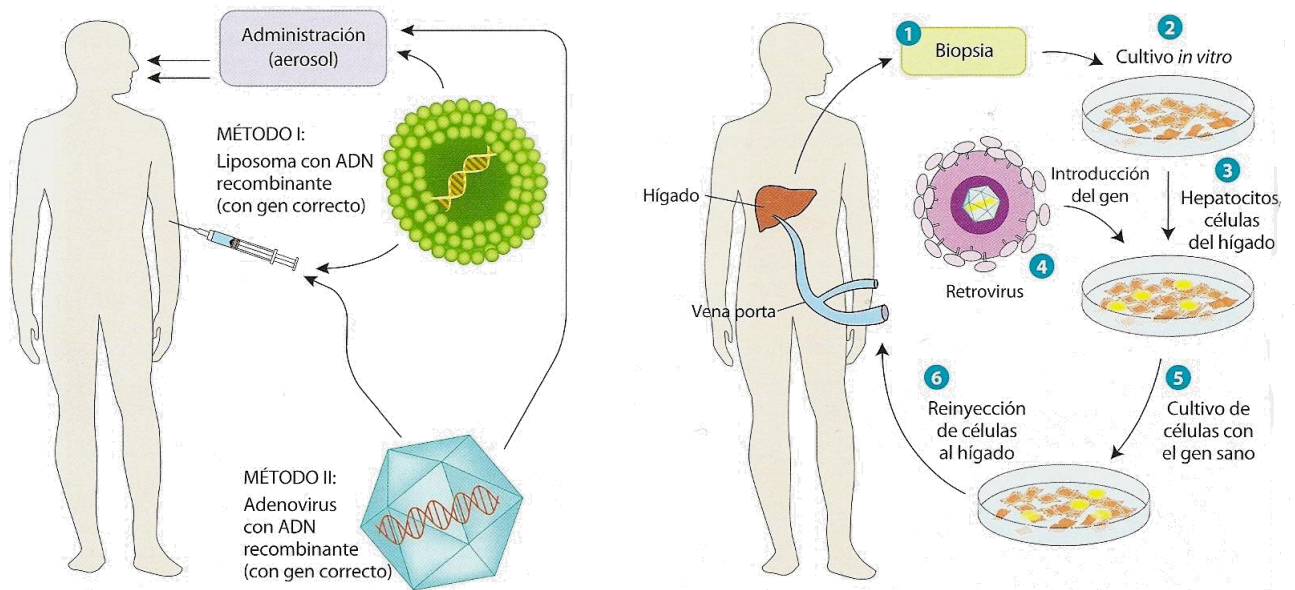
c) Terapia génica

La **terapia génica** tiene como objetivo tratar, curar y prevenir enfermedades producidas por un solo gen defectuoso introduciendo en el paciente un gen terapéutico o funcional.

La inserción del gen funcional pretende reemplazar el gen defectuoso y reparar una anomalía génica, o bien proporcionar a esas células una nueva función que cubra las insuficiencias mostradas por las células de un tejido determinado.

▪ **Terapia génica somática.**

Con ella se intenta corregir una enfermedad tratando algunas células del cuerpo de la persona enferma, de modo que la existencia de unas cuantas células transgénicas pueden ser bastante para disminuir los síntomas de la enfermedad. Para introducir el gen terapéutico en las células diana se utilizan **vectores**, generalmente **virus**, que se transfieren de diferentes maneras.



En la técnica **in vivo** se introduce en el paciente el ADN recombinante, mediante un liposoma o un virus que se administra por aerosol o inyección

En la técnica **ex vivo** se extraen células del paciente. Se cultivan con el ADN recombinante y las células modificadas se reintroducen en el paciente

▪ **Terapia génica de la línea germinal**

Consiste en introducir genes nuevos, biológicamente funcionales, en células germinales (óvulos y/o espermatozoides) antes de que se produzca la fecundación.

El embrión así formado partirá de una única célula genéticamente modificada, de modo que todas las células de su cuerpo, incluidas las futuras células germinales que producirá, estarán modificadas genéticamente, pudiendo transmitir sus características a las generaciones futuras.

Aunque este tipo de ingeniería genética se realiza en ratones de laboratorio, hasta la fecha no se ha hecho en seres humanos debido a las graves implicaciones éticas que conlleva.

3.2. CÉLULAS MADRE

Las **células madre** o **células troncales** son células indiferenciadas que pueden dividirse indefinidamente produciendo nuevas células madre y diferenciarse en uno o varios tipos celulares especializados, por ejemplo, células musculares, células sanguíneas o células hepáticas.

a) Tipos de células madre

▪ Células madre embrionarias

Después de que un espermatozoide fecunda a un óvulo, se forma el **cigoto**, una única célula **totipotente** que es capaz de generar, a través de sucesivas divisiones celulares, todos los tipos celulares del nuevo organismo y los de los anexos embrionarios (ej: placenta).

Las células resultantes de las primeras divisiones del cigoto también son totipotentes, pero a medida que se van formando nuevas células cada vez más especializadas se va reduciendo la gama de tipos celulares que pueden originar.

Pocos días después de la fecundación, comienza la primera especialización. El embrión temprano está integrado por una serie de células que forman una esfera hueca llamada **blastocisto**, en el que se pueden apreciar dos tipos celulares:

- las superficiales, que formará la placenta.
- las del interior, que son las que formarán el embrión (**células madre embrionarias**).

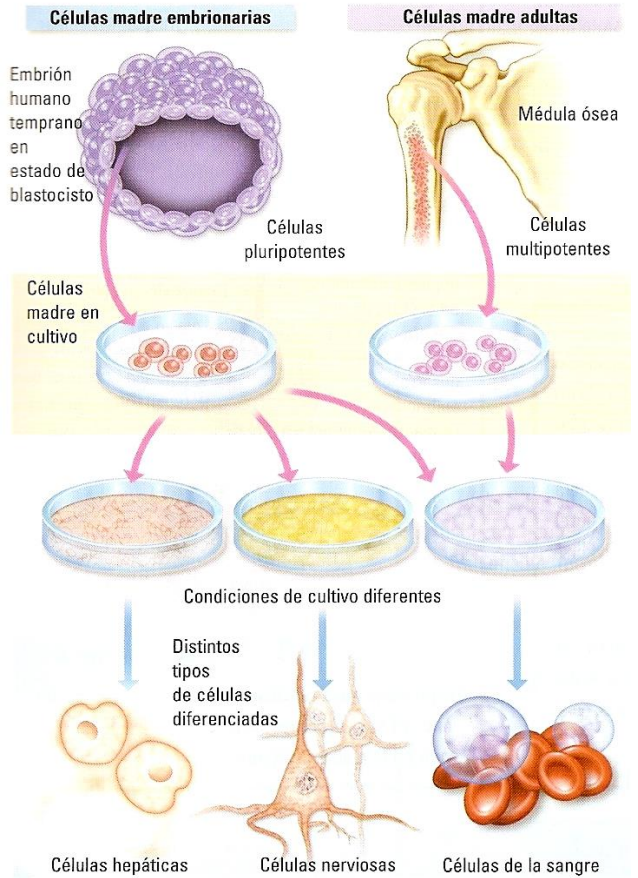
Las **células madre embrionarias** son células **pluripotentes**, porque, aunque por sí solas no pueden dar origen al organismo (necesitan la placenta), son el origen de todos los tipos celulares del adulto.

▪ Células madre adultas

Estas células se encuentran en tejidos del organismo adulto, como la sangre o la piel. Su función es reemplazar las células que mueren para mantener el tejido. Las **células madre adultas** son células **multipotentes**, capaces de originar muchos tipos celulares, pero no todos.

▪ Otras células madre

- Las **células madre fetales** (de fetos abortados por causas naturales o médicas)
- las células del **cordón umbilical** (son células adultas con plasticidad similar a las embrionarias)
- las **células germinales embrionarias** (células productoras de gametos y que, en cultivo, son capaces de dar lugar a todos los tipos celulares del adulto)



b) Aplicaciones de las células madre

Las células madre pueden tener numerosos usos tanto en proyectos de investigación como médicos. Algunos son:

- **Testar toxinas y probar nuevos fármacos.** Actualmente, las líneas celulares cancerígenas están siendo utilizadas para analizar posibles drogas antitumorales.
- **Terapias celulares y trasplantes.** Hoy en día existen terapias regenerativas basadas en el uso de **células madre adultas** que se utilizan para reparar órganos y tejidos dañados. Se aplica para tratar leucemias (el *trasplante de médula ósea*) y otros tipos de cáncer, así como para la reparación del músculo cardíaco. El hallazgo de células madre en el cerebro adulto que pueden formar distintas clases de células nerviosas y que son capaces de regenerar neuronas, abre grandes posibilidades para el desarrollo de nuevas terapias regenerativas. Sin embargo, para algunos científicos la verdadera medicina regenerativa comenzará cuando se puedan emplear **células madre embrionarias** y, sobre todo, las derivadas del propio paciente. Su aplicación clínica podría solucionar en el futuro los dos grandes problemas asociados a los trasplantes: escasez de donantes y el rechazo, ya que un paciente podría recibir un **autotrasplante**.

3.3. CLONACIÓN

La clonación es el proceso mediante el cual se obtiene una copia genética idéntica, o **clon**, de cualquier entidad viva (célula u organismo)

Las plantas y algunos animales, como las esponjas, que pueden reproducirse de forma asexual, mantienen durante toda su vida adulta células indiferenciadas totipotentes que son equivalentes a las células madre embrionarias. En estos casos la clonación sucede de forma natural, como también ocurre en los humanos en los gemelos monocigóticos. Sin embargo, desde hace unas décadas, es posible obtener en el laboratorio, clones a partir de células ya diferenciadas. Este es el sentido con el que actualmente se usa el término clonación.

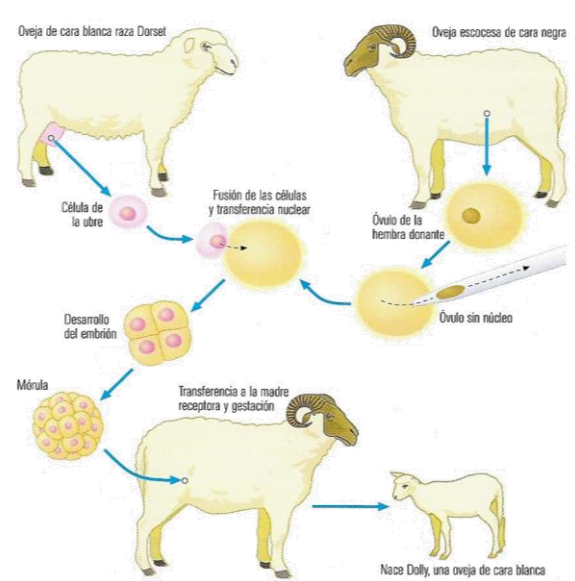
a) La clonación reproductiva

La primera vez que se obtuvo un clon a partir de células de un animal adulto fue en 1996, en el *Roslin Institute* de Edimburgo, Escocia. Como resultado nació la oveja Dolly, el primer mamífero clónico de la historia. Desde entonces se han clonado otros mamíferos como ovejas, vacas, cerdos, cabras, ratones, gatos y primates.

La técnica se denomina **transferencia nuclear**.

El procedimiento es el siguiente:

- 1º) Se obtiene una célula diferenciada del individuo que se quiere clonar.
- 2º) Se extrae un óvulo de una hembra donante
- 3º) Se elimina el núcleo del óvulo
- 4º) Se transfiere el núcleo de la célula diferenciada al óvulo sin núcleo.
- 5º) La célula así obtenida que se comporta como un cigoto, es cultivada en el laboratorio.
- 6º) Cuando el embrión alcanza el estado de mórula se transfiere al útero de una madre receptora.
- 7º) Tras la gestación nace un nuevo individuo que es un clon del que aportó el núcleo



Aunque la clonación pueda parecer un proceso sencillo y bajo control, no lo es. Hoy por hoy, la clonación de animales es muy costosa, poco eficiente y no siempre tiene éxito. Para que Dolly llegara a nacer fueron necesarios 400 óvulos de los cuales solo en 277 se logró introducir con éxito un nuevo núcleo. Tras las primeras divisiones, tan solo 50 embriones se consideraron aptos para ser transferidos al útero de las madres "adoptivas". De todas ellas, tan solo 13 quedaron preñadas y, de las trece, tan solo una parió una oveja viva, Dolly.

Las posibles aplicaciones de la clonación reproductiva están relacionadas con:

- Obtención de copias de animales y plantas de interés económico, nutricional, para la investigación, etc.
- Recuperación de especies en peligro de extinción o extintas.
- Obtención de órganos para transplantes (xenotransplantes)

b) La clonación terapéutica

En este caso la finalidad es la obtención de células madre pluripotenciales a partir de células de un individuo enfermo para poder utilizarlas posteriormente en transplantes a dicho individuo sin riesgo de rechazo.

El procedimiento es similar a la transferencia nuclear pero el embrión no es implantado en una madre adoptiva sino que se usa para obtener de él **células pluripotenciales inducidas** (CPI) que se diferenciarán en distintos tipos celulares según el medio en que se coloquen.

Aunque la clonación reproductiva de seres humanos está prohibida por la legislación en todo el mundo, muchos países, incluida España, sí tienen leyes que regulan la investigación en la clonación terapéutica. Es decir sí está permitida la clonación cuando tiene como finalidad sanar a un individuo enfermo, pero no cuando dicha finalidad es la obtención de clones del individuo.

4. PROYECTO GENOMA HUMANO

Durante la década de 1980 los científicos empezaron a utilizar la ingeniería genética para el estudio de genomas completos. Así nació la **genómica**.

En un primer momento se secuenciaron genomas víricos, de tan solo unos 6000 nucleótidos, pero el rápido desarrollo de métodos de secuenciación nuevos y automáticos hizo posible considerar la secuenciación de genomas más largos y complejos.

A finales de 1980, los científicos decidieron embarcarse en uno de los más formidables proyectos de investigación científica de todos los tiempos: el **Proyecto Genoma Humano** (PGH).

El PGH empezó en 1990 liderado por organismos públicos de los Estados Unidos y bajo la dirección de James Watson, uno de los descubridores de la estructura del ADN. El PGH contó con la colaboración de centros de investigación y universidades de todo el mundo, especialmente del Reino Unido, Alemania, Francia y Japón. Esto lo transformó en un proyecto internacional.

El proyecto se concibió como un trabajo en dos fases:

- 1º Fase (Borrador):

- **Identificar** los genes del ser humano
- **Localizar** dichos genes (determinar en qué cromosoma, y en qué lugar de ese cromosoma, se encuentra cada uno ellos) Es decir elaborar el mapa del genoma humano.

- 2º Fase:

- Determinar la **secuencia** exacta de nucleótidos de cada gen con el objetivo de poder conocer la proteína que codifica y sus posibles alteraciones.

La meta inicial era completar la primera fase en el año 2000 y finalizar la segunda en 2005. El presupuesto del proyecto estimado en el año 1991 fue de 3.000 millones de dólares.

Desde el comienzo del PGH estuvo claro que el conocimiento científico sobre el genoma tendría un profundo impacto en la humanidad y se dedicó un 5 % del presupuesto anual para el Programa de Implicaciones Éticas, Legales y Sociales del proyecto. Por primera vez, una empresa científica dedicaba parte de su financiación a estudiar la forma en que sus descubrimientos pueden afectar a los individuos, a las instituciones y a la sociedad.

Aunque el proyecto nació como **consorcio público**, en 1996 uno de los fundadores del PGH, Craig Venter, que ya había provocado el cese de Watson por presentar a la Oficina de Patentes la secuencia de un gen, fundó *Celera Genomics*. Esta empresa privada, inició en 1999 la secuenciación del genoma utilizando una estrategia diferente y potentes ordenadores y concluyó su "borrador" un año después. Esto obligó al consorcio público a acelerar sus trabajos

El 26 de junio de 2000, el presidente de los Estados Unidos Bill Clinton y el primer ministro británico Tony Blair anunciaron públicamente la finalización del borrador del genoma humano. El 15 de febrero de 2001 se hizo una presentación simultánea de los dos borradores, y tanto los científicos del proyecto público (PGH) como las empresas privadas se comprometieron a compartir sus logros con el fin de que esa información pudiera ser útil a toda la comunidad científica internacional.

El 14 de abril de 2003, antes de lo previsto y como "regalo" del 50 cumpleaños del descubrimiento de la doble hélice de ADN, se anunció la secuenciación completa del genoma humano. La secuencia terminada incluye el 99% de sus nucleótidos, un avance significativo sobre el "borrador de trabajo" que cubría el 90% de la secuencia.

Aunque no se refleja en el nombre, el PGH también incluyó otros proyectos para secuenciar el genoma de los organismos modelos usados en investigación genética, desde la bacteria *Escherichia coli* hasta la mosca del vinagre y el ratón.

Los objetivos del PGH fueron logrados, incluso superados, en menor tiempo y con menor presupuesto del que se estimó en sus inicios, pero queda mucho trabajo por hacer. Tener secuenciado el genoma humano es como tener todas las páginas del manual que se necesita para hacer el cuerpo humano. Ahora el desafío es determinar la forma de leer el contenido de todas esas páginas para luego entender cómo trabajan todas las partes juntas, y así descubrir las bases genéticas de la salud y la enfermedad.

Los datos obtenidos del estudio del genoma humano son los siguientes:

- Está formado por 3.150 millones de pares de nucleótidos
- Contiene unos 35.000 genes, muchos menos de los 100.000 que se esperaban.
- El 25% del genoma está casi desierto y el 35 % son secuencias repetidas (ADN “basura”). Los genes no están distribuidos regularmente por los cromosomas, existen largos espacios vacíos entre un gen y otro. Tan solo un 5 % del ADN contiene genes portadores de instrucciones para sintetizar proteínas.
- Existen muchas más proteínas (250.000) que genes, por lo que se calcula que cada gen está implicado en la síntesis de unas 10 proteínas distintas, en vez de en una como se creía hasta ahora.
- Una gran parte de nuestro ADN (al menos 223 genes) procede de virus y de bacterias que en algún momento han infectado a los antepasados de nuestra especie.
- La diferencia entre dos personas es tan solo del 0,01 %.
- Si comparamos con otras especies, las coincidencias con un chimpancé son casi del 96 %, con un ratón tenemos en común el 80 % de nuestros genes y con la mosca del vinagre un 60 %.
- El número de nuestros genes es similar al número de genes existente en el chimpancé y en el ratón y no es muy superior al número presente en invertebrados como la lombriz o la mosca del vinagre. Sin embargo, no hay relación entre el número de genes y la complejidad del organismo.

La finalización del PGH marca el comienzo de una nueva era, **la era del genoma en la medicina y la salud**. La comprensión de nuestro genoma puede ayudar a identificar los genes que causan las enfermedades hereditarias y a desarrollar su prevención y tratamiento.